

# BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND

EPO/02005

REC'D 10 MAY 2000	
WIPO	PCT



4  
EPO-EG 1

25.04.2000

## Bescheinigung



Die SCHERING Aktiengesellschaft in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäure- und Protein-Sequenzen aus Endothelzellen"

am 1. Oktober 1999 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Das angeheftete Stück ist eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlage dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 07 K und C 12 N der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 30. März 2000

**Deutsches Patent- und Markenamt**

**Der Präsident**

Im Auftrag



Aktenzeichen: 199 48 679.4

## PRIORITY DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

106  
107  
L11

## **Menschliche Nukleinsäure-und Pretein-Sequenzen aus Endothelzellen**

Die Erfindung betrifft Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Angiogenese ist ein Prozeß, der im adulten Lebewesen bei den zyklischen Prozessen der Reproduktion in der Frau, bei der Wundheilung und in verschiedenen pathologischen Situationen zu beobachten ist, wie z. B. Tumorwachstum, rheumatische Erkrankungen, Endometriose, bei der Kollateralenbildung im Herzen und in der Peripherie, etc.

Persistente Angiogenese kann die Ursache für verschiedene Erkrankungen wie Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen und Artheriosklerose sein oder zu einer Verschlimmerung dieser Erkrankungen führen.

Gelänge es, Angiogenese zu induzieren oder zu hemmen, so würden sich mehrere Erkrankungen grundlegend therapieren lassen. Hierzu müßte man die Gene bzw. die für die Angiogenese relevanten Nukleinsäure-Sequenzen kennen. Bisher ist nicht bekannt, welche Gene bzw. Nukleinsäure-Sequenzen oder Teile davon angiogeneserelevant sind.

Es konnten nun Nukleinsäure-Sequenzen gefunden werden, die angiogeneserelevant sind.

Diese Sequenzen sind entweder bisher nicht beschrieben worden oder sie sind nur als Nukleinsäure-Sequenzen aus Nagern bekannt, jedoch ohne Hinweis auf Angiogenese. Weitere Sequenzen sind als humane Gene oder Teile davon

beschrieben, jedoch nicht in bezug auf mögliche angiogeneserelevante Eigenschaften.

Zur Suche nach angiogeneserelevanten Genen wurden Endothelzellen aus  
5 Vorhäuten adulter Personen gewonnen, die auf zweierlei Arten kultiviert wurden:

a) auf einer Rattenschwanzkollagenmatrix in subkonfluenter Dichte

und

10

b) auf einem Gel aus extrazellulärer Matrix (Matrikel).

Unter Kulturform a) bilden die Zellen die klassischen Kopfsteinpflasterartigen Monolayer.

15

Unter Kulturform b) bilden die Zellen netzartige Strukturen mit röhrenförmigen Gebilden.

Die Zellkulturform a) stellt einen frühen Angiogenesezustand mit vornehmlich  
20 proliferativem Phänotyp dar.

Die Zellkulturform b) stellt ein Modell für eine spätere Phase der Angiogenese dar,

bei der die Differenzierung der Endothelzellen zu einer Bildung von schlauchförmigen Strukturen führt. Diese Strukturen sind eine Voraussetzung für

25 einen Blutfluß, der von der Gewebsfläche separiert ist.

Aus beiden Zellkulturformen wird mRNA isoliert, in cDNA transkribiert, und mit einer Restriktionsendonuklease in Fragmente der Größe von 200 bis 1500 bp geschnitten. Mittels einer subtraktiven PCR-Technik wurden die differentiell vorkommenden Fragmente beider Zustände amplifiziert. Sie wurden in Vektoren eingebaut und kloniert. Die Klone wurden zunächst sequenziert und anschließend wurden ihre Sequenzen mit bioinformatischen Techniken komplettiert.

Mit Hilfe einer quantitativen, in der Literatur beschriebenen PCR-Technik (Pilarsky et al., 1998, s. Versuchsbeschreibung) wurde zunächst untersucht, ob die Gene in den beiden Kulturzuständen differentiell exprimiert sind. Zur Normierung wurde die  
5 Expression des 23 kDalton Proteins (s. Versuchsbeschreibung) als interner Marker verwendet. In der differentiellen Expression traten Verhältnisse von 2-7 fach auf.

---

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 gefunden werden, die als Kandidatengene bei der Angiogenese eine Rolle spielen.

10

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

20 oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

25

Die Erfindung betrifft weiterhin Nukleinsäure-Sequenzen gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

30

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, die in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 hybridisieren.

5

Die erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 3000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp, besonders bevorzugt eine Länge von 150 bis 2600 bp auf.

- 10 Mit den erfindungsgemäß Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor,
- 15 kombiniert wird. Die erfindungsgemäß Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

20

- Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
- 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

- Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

- 5 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

---

Die erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen können auch zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

15

Die erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Sequenzen enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

20

Die die Nukleinsäure-Sequenzen enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäß Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

30

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, die von den erfinderischen Teilsequenzen exprimiert werden.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den Polypeptiden aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert werden.

10

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen kodierten Polypeptide können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen bei angiogenen Erkrankungen verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

20

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

25

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimierten Polypeptide als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogener Erkrankungen, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogener Erkrankungen.

30

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren bzw. die über diese Nukleinsäuren exprimierten Proteine können somit entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie,

Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopathische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Artheriosklerose und

5 Verletzungen des Nervengewebes zum Einsatz kommen.

---

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptidsequenz enthalten, die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimiert werden.

10 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische 20 BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen 25 Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden.

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle- 30 Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

5

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

---

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## **Beispiel 1**

### **1. Suche nach angiogeneserelevanten Kandidatengenen**

#### **10 1.1 Verwendete Zellen**

Primäre, humane, mikrovaskuläre Endothelzellen (MVEC) wurden aus menschlichen Vorhäuten präpariert und mittels biotinyliertem anti CD31 (PECAM) Antikörper selektioniert (Referenz).

15 Kulturbedingungen: 37°C, 5%CO<sub>2</sub>

Medium: M199, 10% FCS, 10% Humanserum, 6µg/ml ECGF, 1mM Natriumpyruvat, 3 U/ml Heparin, 100 U/ml Penicillin, 100µg/ml Streptomycin, 1x nicht essentielle Aminosäuren

20

#### **1.2 Kultivierung und RNA-Präparation**

Für die Kulturform a) werden die Zellen auf mit Collagen I beschichtetem Plastik kultiviert. Für die Kulturform b) werden die Zellen auf einem Gel aus extrazellulären 25 Matrixproteinen ausgebracht. Das dazu verwendete Matrikel (Becton Dickinson) wurde 1 zu 1 mit M199 Medium verdünnt, in der Kälte in das verwendete Kulturgefäß gegossen (60µl/cm<sup>2</sup>) und bei 37°C für 30 min. gelöst. Anschließend wurden die Zellen ausgebracht.

Für Kulturform a) und b) wurden MVEC in einer Dichte von 2x10<sup>4</sup>/cm<sup>2</sup> ausgebracht 30 und für 7h bei 37°C, 5% CO<sub>2</sub> inkubiert.

Die Gesamt-RNA-Präparation wurde nach der Guanidinium Thiocyanat Methode mit anschließender Zentrifugation durch ein Caesiumchlorid-Kissen durchgeführt

(Sambrook J., Fritsch E. F., and Maniatis T.; 1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory Press).

Die polyA<sup>+</sup> RNA-Selektion wurde über oligo(dT)-Zellulosesäulen (mRNA Purification Kit, Pharmacia Biotech) durchgeführt.

5

### 1.3 Erstellen von subtraktiven cDNA-Banken

Die Subtraktion wurde nach der Methode von Diatchenko et al. (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 1996 Jun 11, 93:6025-30) mit Hilfe des PCR-Select cDNA Subtraction Kit durchgeführt.

Die polyA<sup>+</sup> RNA, die die Zielsequenzen enthält, wird als Tester, die davon abzuziehende polyA<sup>+</sup> RNA als Driver bezeichnet.

Es wurden 2 Subtraktionen durchgeführt, wobei einmal die polyA<sup>+</sup> RNA der Kulturform a) und einmal die polyA<sup>+</sup> RNA der Kulturform b) als Tester diente. Die folgende Versuchsbeschreibung stellt exemplarisch nur eine Subtraktion dar.

### 1.4 Synthese von doppelsträngiger cDNA (ds cDNA)

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wird eine doppelsträngige cDNA-Synthese durchgeführt.

#### 1. Strang-Synthese

Die Strangsynthese wird mit folgendem Ansatz durchgeführt:

polyA <sup>+</sup> RNA	2µg
cDNA-Synthese Primer(10µM)	1µl
Wasser	add 5µl

Die Reaktionen werden für 2 min. bei 70°C und anschließend 2 min auf Eis inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde folgendes zugegeben:

5x First-strand buffer ( 250mM Tris-HCL, pH8, 330mM Mg-Chlorid, 375mM KCl)	2µl
10mM dNTP	1µl
5 Wasser	1µl
<u>MMLV reverse transcriptase (200 U/µl)</u>	<u>1µl</u>

Die Reaktionen wurden für 90 Minuten bei 42°C und anschließend für 2 Minuten auf Eis inkubiert.

10

## 2. Strang-Synthese

Die 2. Strang-Synthese wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

1. Strang-Synthese	10µl
--------------------	------

15

Wasser	48,4µl
--------	--------

5x Second-strand buffer(500mM KCL, 50mM Ammoniumsulfat,

25mM Mg-Chlorid, 0,75mM β-NAD, 100mM Tris-HCL, pH7,5,

0,25mg/ml BSA) 16µl

10mM dNTP 1,6µl

20

20x Second-strand enzyme cocktail (DNA Polymerase 1 6U/µl

Rnase H 0,2U/µl, *E. coli* DNA Ligase 1,2U/µl) 4µl

Die Reaktionen wurden für 2h bei 16°C inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde T4 DNA Polymerase wie folgt zugegeben:

25

T4 DNA Polymerase 3U/µl 2µl

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 16°C inkubiert.

Die Reaktionen wurden mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende

30

Zusammensetzung aufweist:

20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen) 4µl

Es wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die Pellets wurden in je 50µl Wasser resuspendiert.

5     **1.5 Rsa I-Verdau der ds cDNA**

---

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wurde ein Rsa I-Verdau durchgeführt. Hierzu wurden folgende Lösungen verwendet:

10	ds cDNA	43,5µl
	10x Rsa I Restriktionspuffer (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0,	
	100mM Mg-Clorid, 1mM DTT)	5µl
	Rsa I (10U/µl)	1,5µl

15   Die Reaktionen wurden für 90 min bei 37°C inkubiert.

Die Reaktionen wurden anschließend mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende Zusammensetzung aufweist:

20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA	1mg/ml Glykogen)	2,5µl
-----------------------------------	------------------	-------

20

Anschließend wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die hierbei entstehenden Pellets wurden in je 5,5µl Wasser für die weitere Verarbeitung resuspendiert.

25

**1.6 Adaptor-Ligation an Rsa I verdaute ds Tester cDNA**

Die Tester-cDNA wurde in 2 Fraktionen aufgeteilt. An jede Tester-Fraktion wurde ein Adapter ligiert. Die Konzentrationen der verwendeten Substanzen für die beiden Tester sind im einzelnen in der nachfolgenden Tabelle aufgeführt.

	<u>Tester-1</u>	<u>Tester-2</u>
Tester-cDNA	0,1µl	0,1µl
5x Ligationspuffer (250mM Tris-HCl, pH7,8 50mM MgCl2	2µl	2µl
10mM DTT 0,25mg/ml BSA)		
T4 DNA Ligase (400U/µl)	1µl	1µl
Adaptor 1 (10µM)	2µl	--
Adaptor 2 (10µM)	--	2µl
H2O	4,9µl	4,9µl
Gesamtvolumen	10µl	10µl

Die Reaktionen wurden über Nacht bei 16°C inkubiert und anschließend mit EDTA abgestoppt (20x EDTA/Glykogen Mix, 1µl (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen)).

- 5 Die Reaktionen wurden für 5 min bei 72°C inkubiert.

## 1.7 Subtraktive Hybridisierungen

- 10 Die Driver und Tester wurden anschließend miteinander in zwei Schritten hybridisiert.

### Hybridisierung

15

Die erste Hybridisierung wurde für die beiden Reaktionen mit den in der folgenden Tabelle aufgeführten Lösungen und Verbindungen durchgeführt.

	Reaktion 1	Reaktion 2
Rsa I verdaute Driver cDNA	1,5µl	1,5µl
Adaptor 1 ligierter Tester 1	1,5µl	-
Adaptor 2 ligierter Tester 2	-	1,5µl
4x Hybridisierungspuffer	1µl	1µl
Gesamtvolumen	4µl	4µl

Die Reaktionen wurden für 90 sek bei 98°C und anschließend direkt für 8h bei 68°C inkubiert.

#### 1. Hybridisierung:

Für die 2. Hybridisierung wurden Reaktion 1 und 2 gemischt und frisch denaturierter Driver wie folgt zugegeben:

10

Driver	1µl
4x Hybridisierungspuffer	1µl
Wasser	2µl

1µl dieser Mischung wurde für 90 sek bei 98°C inkubiert und anschließend möglichst schnell mit Reaktion 1 und Reaktion 2 fusioniert.

20

Die 2. Hybridisierung wurde bei 68°C über Nacht inkubiert. Anschließend wurden zur 2. Hybridisierung 200µl Verdünnungspuffer (20mM HEPES-HCl (pH8,3), 50mM NaCl, 0,2mM EDTA (pH8,0)) zugegeben. Danach wurde die 2. Hybridisierung für 7 min bei 68°C inkubiert. Der so hergestellte Ansatz wurde dann für die PCR eingesetzt.

Differentiell exprimierte Fragmente in den subtrahierten cDNA Pools wurden über zwei aufeinanderfolgende PCRs selektiv amplifiziert.

Die 1. PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

25

	10x PCR-Puffer (400mM Tricine-KOH, pH9,2, 150mM KOAc, 35mM MG(OAc)2, 37,5µg/ml BSA)	2,5µl
	10mM dNTP	0,5µl
	PCR Primer 1 (10µM)	1µl
5	50x Advantage cDNA Polymerase	0,5µl
	<u>verdünnte 2. Hybridisierung</u>	1µl
	<b>Wasser</b>	<b>19,5µl</b>

	Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt:	75°C, 5 min
10	Schleife	94°C, 30 sek
		66°C, 30 sek
		72°C, 90 sek

Insgesamt wurden 27 Zyklen durchgeführt.

	10x PCR-Puffer	2,5µl
	10mM dNTP	0,5µl
20	nested PCR-Primer 1 (10µM)	1µl
	nested PCR Primer 2R (10µM)	1µl
	50x Advantage cDNA Polymerase	0,5µl
	PCR Produkt	0,1µl
	H2O	19,4µl

	Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt:	94°C, 30 sek
		68°C, 30 sek
		72°C, 90 sek

Insgesamt wurden 12 Zyklen durchgeführt.

Die Subtraktionseffizienz wurde durch eine semi-quantitative PCR für ein bekanntes nicht reguliertes Gen ( SH3P18) überprüft. Es zeigte sich eine Reduktion in dem subtrahierten cDNA Pool um einen Faktor von 150- 200.

5

---

## 2. Ligation der subtrahierten cDNA Pools in pUC 18

Die vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools wurden in pUC 18 Sma I/BAP lisiert (SureClone Ligation Kit, Pharmacia Biotech) und anschließend in chemisch kompetente E. coli DH5 $\alpha$  kloniert.

Die Fragmente der subtrahierten cDNA Pools wurden dazu zu Blunt-Enden aufgefüllt und phosphoryliert. Folgende Zusammensetzungen wurden hierfür verwendet:

15

Subtrahierter cDNA Pool		1,5 $\mu$ g
Klenow Fragment		1 $\mu$ l
10x Blunting/Kinasing Buffer		2 $\mu$ l
Polynucleotide Kinase		1 $\mu$ l
Wasser	add	20 $\mu$ l

20

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 37°C inkubiert, anschließend über PCR Purification Columns aufgereinigt und in 30 $\mu$ l Wasser eluiert. Anschließend wurde die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

### 2.1 Ligation in pUC 18

Die Ligation in pUC 18 wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

30

Blunt-ended cDNA Pool	50ng
pUC 18 Sma I/BAP (50ng/ $\mu$ l)	1 $\mu$ l

2x Ligationspuffer	10µl
DTT	1µl
T4 DNA Ligase (6U/µl)	3µl
Wasser	add 20µl

5

Die Reaktionen wurden über Nacht bei Raumtemperatur inkubiert.

---

## 2.2 Transformation der Ligationen in E. coli DH5 $\alpha$

10

Die Ligationen wurden in chemisch kompetente E. coli DH5 $\alpha$  transformiert.

Die transformierten Zellen wurden auf 2YT Agarose-Platten mit 100µg/ml Ampicilin, 625µM IPTG und 0,005% X-Gal ausgestrichen und über Nacht bei 37°C angezogen. Auf 17 zufällig ausgewählten, weißen Klonen wurde eine Kolonie-PCR mit Vektor-Primern (M13 Standardprimer) durchgeführt. 15-16 Klone zeigten dabei Inserts mit einer Größenverteilung, die der des verwendeten cDNA Pools entsprach.

15 Für jede Subtraktion wurden 1536 Klone in 384-well Platten mit 50µl 2YT, 1xHMF, 100µg/ml Ampicilin pro well transferiert. Die gefüllten 384-well Platten wurden über Nacht bei 37°C inkubiert und konnten dann bei –80°C gelagert werden.

20

### 3. Herstellung von Kolonie-Filtern:

Die 1536 Klone einer subtraktiven cDNA Bank wurden auf eine Hybond Nylon N+ Membran (Amersham) angeimpft. Die Membran wurde auf eine 2YT Agarose-Platte mit 100µg/ml Ampicilin gelegt und über Nacht bei 37°C inkubiert. Die Membran wurde mit der Kolonie-Seite nach oben für 4 min auf in Denaturierungslösung (0,5M NaOH, 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier gelegt. Anschließend wurde die Membran für 4 min auf in Neutralisierungslösung (1M Tris-HCl (pH7,5), 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier inkubiert. Die Membran wurde dann für 1h bei 37°C mit Proteinase K behandelt. Die Membran wurde dazu in 300ml Proteinase K Puffer (50mM NaCl, 5mM EDTA, 10mM Tris-HCl (pH8), 50mg/ml Proteinase K)

getaucht. Schließlich wurde die Membran bei 80°C für 3h getrocknet und wurde dann für die Hybridisierungen verwendet.

5     **4. Differentielle Hybridisierung:**

---

Um die differentielle Expression der klonierten Fragmente nachzuweisen wurde mit Hilfe eines PCR-Select Differential Screening Kits eine differentielle Hybridisierung auf Kolonie-Filtern der subtraktiven cDNA-Banken durchgeführt.

10

Für eine spezifische Hybridisierung der vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools auf die subtraktiven cDNA-Bank Kolonie-Filter war es notwendig die Adapter-Sequenzen in der Hybridisierungsprobe zu entfernen.

15    Als Hybridisierungsproben für die Rsa I-Restriktion der subtrahierten cDNA Pools wurden eingesetzt:

cDNA Pool	28µl
10x Rsa I Restriktionspuffer	(100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0)
100mM Mg-Chlorid, 1mM DTT)	3µl
20    Rsa I (10U/µl)	2µl

Die Reaktionen wurden bei 37°C für 5h inkubiert und anschließend über PCR-Reinigungssäulen aufgereinigt und in 30µl Wasser eluiert. Die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

**5. Radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools**

Die radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools wurde mit folgendem 30 Ansatz durchgeführt:

cDNA Pool	150ng in	9µl
-----------	----------	-----

	Reaktionspuffer, - dCTP (333mM Tris-HCl, pH8, 33,3 Mg-Chlorid, 10mM 2-Mercaptoethanol, 170µM dATP, 170µM dGTP, 170µM dTTP)	3µl
5	Random Primer Mix (0,9mg/ml random nonamers, 50mM Tris-HCl, pH7,5, 10mM Mg-Chlorid, 1mM DTT, 50µg/ml BSA)	2µl
	AP32 dCTP	3µl
	Klenow Fragment (3U/µl)	1,5µl

Die Reaktionen wurden bei 37°C für 1h inkubiert, anschließend über PCR-Reinigungssäulen aufgereinigt und in 30µl Wasser eluiert. Es wurde die spezifische Aktivität der Reaktionen bestimmt um sicherzugehen, daß in beiden Hybridisierungsreaktionen die gleiche Menge an markierter DNA eingesetzt wurde.

15     **6. Prähybridisierung und Hybridisierung der Filter und Hybridisierungsproben**

Für die Hybridisierungen wurde folgende Lösungen verwendet:

20	20x SSC	50µl
	Blocking Lösung (10mg/ml sheared salmon sperm DNA, 0,3mg/ml komplementäre Oligos zu Adaptoren)	50µl

Die Lösung wurde für 5min bei 98°C inkubiert, dann für 5min auf Eis gestellt und mit 25 5 ml Express-Hybridisations-Lösung gemischt. Diese Lösung wurde dann in der Hybridisierungsflasche mit dem Filter bei 72°C für 1h prähybridisiert.

Die Hybridisierungsproben wurden ebenfalls mit folgender Lösung versetzt:

30	20x SSC	50µl
	Blocking Lösung (10mg/ml sheared salmon sperm DNA, 0,3mg/ml komplementäre Oligos zu Adaptoren)	50µl

Der Ansatz wurde dann für 5min bei 98°C und für 2 min auf Eis inkubiert.

Anschließend wurden die Hybridisierungsproben zu dem Filter in die

Hybridisierungsflaschen gegeben und über Nacht bei 72°C hybridisiert.

5 Anschließend wurde wie folgt verfahren:

a) 4x 20min bei 68°C mit vorgewärmtem 2xSSC, 0,5% SDS

b) 2x 20 min bei 68°C mit vorgewärmtem 0,2xSSC, 0,5% SDS

10 c) anschließend Exposition in Phosphor-Imager-Kassetten für 22h bei Raumtemperatur

15 7. Auswertung der differentiellen Hybridisierungen

Die Auswertung der Hybridisierungen erfolgte an einem Phosphor-Imager.

Ein Klon wurde dann als differentiell exprimiert eingestuft, wenn er ausschließlich

20 ein detektierbares Hybridisierungssignal mit dem vorwärts subtrahierten cDNA Pool zeigte oder wenn die Signalstärke mit dem vorwärts subtrahierten cDNA Pool um mindestens den Faktor 5 größer war als mit dem rückwärts subtrahierten cDNA Pool.

25 8. Bestätigung der differentiellen Expression mittels semi-quantitativer RT-PCR

Um die differentielle Expression der Klone mit differentiellem

30 Hybridisierungsergebnis zu bestätigen, wurden Sequenzen zufällig ausgewählt und entsprechende Primer hergestellt.

Als Methode zum Nachweis der differentiellen Expression wurde die comparative multiplex RT-PCR nach Pilarsky et al. (The Prostate 36:85-91 (1998)) angewendet. Als interner Standard wurden Primer für das 23kD highly basic Protein verwendet. Die interessierende Sequenz und das Standardfragment wurden simultan in einer  
5 Reaktion für eine unterschiedliche Anzahl an Zyklen amplifiziert. Die PCR-Produkte wurden anschließend auf einem 6% Sequenzer-Gel aufgetrennt und mittels einer Software analysiert und quantifiziert. Zuerst wurde die Anzahl an Zyklen ermittelt für die sowohl das Standardfragment , als auch die interessierende Sequenz linear amplifizierten und die dann für die quantifizierende PCR verwendet wurde. Zur  
10 quantifizierenden RT-PCR wurden unterschiedliche RNA-Präparationen herangezogen und jeweils 3 Reaktionen angesetzt.  
Es konnte für 90% der untersuchten Sequenzen mit differentiellem Hybridisierungsergebnis ein Unterschied in der Expression festgestellt werden, der größer war als ein Faktor 2.

15

## 9. Automatische Verlängerung der gefundenen Nukleinsäure-Sequenzen

Um möglichst viel Sequenzinformation für jeden differentiell exprimierten Klon zu erhalten, wurde eine automatische Verlängerung der Ausgangssequenz anhand  
20 aller verfügbaren EST-Sequenzen durchgeführt.

Die automatische Verlängerung der Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge aller verfügbaren EST's aus der LifeSeq-Datenbank (Stand Oktober 1997) mit Hilfe des BLAST Algorithmus (Altschul S., Gish W., Miller W., Myers E., Lipman D. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410).
- 30 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield J., Smith K., Staden R. (1995), *Nucleic Acids Research* 23, 4992-4999).

### 3. Berechnung einer Konsensus-Sequenz aus den assemblierten Sequenzen.

Nun wird versucht die Konsensus-Sequenz in gleicher Weise zu verlängern. Diese

- 5 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenz fortgesetzt, bis keine  
weitere Verlängerung mehr möglich ist.
- 

### 10. Gefundene Nukleinsäure-Sequenzen

10

Analog der unter 1 bis 9 beschriebenen Verfahrensweise wurden z. B. folgende Sequenzen gefunden, von denen einige mehrfach in Kulturform a) oder Kulturform b) der Endothelzellen überexprimiert werden.

15

Diese Nukleinsäure-Sequenzen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die mögliche Funktion dieser Genbereiche betrifft die Angiogenese.

20

Das Ergebnis ist in der folgenden Tabelle I dargestellt:

TABELLE I

Seq ID No	Expression	Funktion	Homologie
1	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
2	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
3	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
4	3-fach überexprimiert in b)	gap junction, assoziiert mit Differenzierung	connexin37; 96% Identität über 933 bp.
5	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
6	2-fach überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
7	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
8	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
9	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
10	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	SPRY2; 99% Identität über 1489 bp.
11	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
12	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse Gas5; 78% Identität über 121 bp.
13	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
14	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
15	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
16	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
17	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
18	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
19	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
20	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
21	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine

Seq ID-No	Expression	Funktion	Homologie
22	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
23	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse MMP; 83% Identität über 831 bp.
24	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
25	4-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
26	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
27	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
28	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	KIAA0255; 57% Identität über 326 bp.
29	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	thymic epithelial cell antigen; 68% Identität über 326 bp.
30	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
31	4-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
32	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
33	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
34	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
35	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
36	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
37	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	CL-20; 87% Identität über 122 bp.
38	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse Numb; 90% Identität über 310 bp.
39	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
40	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
41	5-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
42	6-fach überexprimiert in a)	Coreprozessor, assoziiert mit Proliferation	SMRT; 99% Identität über 785 bp.
43	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
44	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
45	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
46	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine

Seq ID-No	Expression	Funktion	Homologie
47	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
48	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	MUC18; 99% Identität über 780 bp.
49	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
50	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
51	3-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
52	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
53	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
54	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
55	7-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit EC Proliferation und Migration	CYR61; 100% Identität über 2015 bp.
56	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
57	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
58	3-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
59	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine

a), b) = Kulturformen

5

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 der ermittelten Kandidatengene werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

10

15

**Sequenzprotokoll**

5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

---

## (i) ANMELDER:

- (A) NAME: Schering Aktiengesellschaft
- (B) STRASSE: Müllerstraße 178
- 10 (C) STADT: Berlin
- (D) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-13303
- (G) TELEFON: (030)-4681 2085
- (H) TELEFAX: (030)-4681 2058

15

20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus  
humanen Endothelzellen

25

(iii) Anzahl der Sequenzen: 59

## (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- 25 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1835 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

25	ttttacagtt ttccctttct tcagagttta ttttgaattt tcattttgg ataaaccaagc 60 agctcttaa gaagaatgca cagaagagtc attctggcac ttttgatag tacataagat 120 tttctttttt ttttttaat ttttttaat agtcacattc agtcgcttg ctcaaaccag 180 actcccacat tgggtgagca agatgagccc ataggattcc agagtaata cgtaaccgta 240 tatacaaaca gccaaaaaac cataatggtg ccacagggat ggagcaggga agggcatctc 300 taacgtgtcc tctagtctat cttcgctaaa cagaacccac gttacacatg ataactagag 360 agcacacactgt gttgaaacga ggatgctgac cccaaatggc acttggcagc atgcagttta 420 aagcaaaaga gacatccctt aataactgta taaaatccag gcagttccat taaagggtt 480 aagaaaacca acaacaacaa aaagcgaggg actgtctgtt gtcactgtca aaaaggcact 540 tggagttaat gggaccagga ttggaggact ctttagctgat acagattca gtacgatttc 600 attaaaaaggc ttggatgtta agagaggaca ctcagcggtt cctgaaggga gacgctgaga 660 tggaccgctg agaagcggaa cagatgaaca caaaggaatc aaatcttac aaccaaattt 720 35 catttaagcg acaacaaaaa aaggcaaaacc ccaaaacgca acctaaccaa agcaaaatct 780 aagcaaaatc agacaacgaa gcagcgatgc atagcttcc tttgagagaa cgcataacctt 840 gagacgctac gtgccaacct aagttctcaa cgacagcttc acagtaggat tattgtgata 900 aaaatgactc aagcgatgca aaaagttca tctgttccca gaatccgagg gagaactgag 960 gtgatcgatc gagcatagcg acatcacgtg cggttctta atgtccctgg tggcggatac 1020 40 gcccggatcctt cggaaaggaca tctggacacc actttcagcc accttcgttgc agggggcgaca 1080
----	--

tccggccaaag tcatccctta ttccgagtaa taactttaat tcctttctaa catttacacg 1140  
 gcaaacagga atgcagtaaa cgtccacgtc cgccccacgg ctggggctgcc gttccgttc 1200  
 ctccacgaac ggtacgcgc ttccatgaga aaggatattt ggcaatttta tattccacag 1260  
 5 tcaggtgggt ctgcgataag tcatttaatg taaaacgcca tcaggggcct tcctcccgt 1320  
 ttctgccagg ggctttctt gtcttctcct tggcgagctc gtggggcagat cttctctgg 1380  
 gggggctggc tgctggctcc gagggggcat ccgcagtcg tctggtcgtc tcctcctgca 1440  
 ggctgggcag ctggccacca cttctccgac tcgaccctc caacaagcat cgccaggcac 1500  
 tgtcctcggg ggtacagacc gtggtcccac attcgctacc actctgttcc acgtcatcca 1560  
 ggtacacgag ctgcgtgttag gccgtgctgt ctggggctcg aggctttc tgctggtgct 1620  
 10 ~~cttggacggg cgggttgtc tgctgcagag acaaagcatc tcccccttccc ttccgggttg~~ 1680  
 attttggttc attcatatct acgcccagt ccaaactggc atcattactt cgttcccttc 1740  
 cagctcttg gagaatcaat gtatgaatgt ctaacctgac cgttggacct gccatccaag 1800  
 gagacgaacc acccccgggg gtcgcgaagc ggct

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
- 20 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

5 gttctagatt gtttattca gtaatttagct cttaagaccc ctggggcctg tgctacccag 60  
acactaacaa cagtcttat ccagttgctg gttctgggtg acgtgatctc cccatcatga 120  
tcaacttact tcctgtggcc cattagggaa gtgtgacct cgggagctat ttgcctgtt 180  
agtgcacaca cctggaaaca tactgctctc atttttcat ccacatcagt gagaaatgag 240  
tggcccgta gcaagatata actatgcaat catgcaacaa agctgcctaa taacatttca 300  
tttattacag gactaaaagt tcattattgt ttgtaaagga tgaattcata acctctgcag 360  
10 agttatagtt catacacagt tgatttccat ttataaaggc agaaagtccct tgttttctct 420  
aatgtcaag ctttgactga aaactcccgt ttttccagtc actggagtgt gtgcgtatga 480  
aagaaaatct ttagcaatta gatgggagag aaggaaata gtacttgaaa tgtaggccct 540  
cacctccccca tgacatcctc catgagcctc ctgatgtagt g

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 516 Basenpaare
- 20 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

5 tagagatgtt ggttgatgac ccccgggatc tggagcagat gaatgaagag tctctggaaag 60  
 tcagccccaga catgtgcatac tacatcacag aggacatgct catgtgcgg aacctaattg 120  
qacactctgg gttgttattgtq aaaqaaatttq qqtcttccac ctcgagctct tcagaaaacag 180

---

10 ttgttaagct tcgtggccag agtactgatt ctcttccaca gactatatgt cgaaaaaccaa 240  
 agacctccac tgatcgacac agcttgagcc tcgatgacat cagactttac cagaaaagact 300  
 tcctgcgcac tgcaggcttg tgtcaggaca ctgctcagag ttacaccctt ggatgtggcc 360  
 atgaacttggta tgaggaaggc ctctatttgc acagttgctt ggcccagcag tgcatcaaca 420  
 tccaaatgc ttttccatc aaaagaacca gcaaataactt ttctctggat ctcactcatg 480  
 atgaagttcc agagtttgggt gtgtaaatgc cgtctg

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1099 Basenpaare
- 20 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25 hergestellte partielle cDNAs

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iv) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5

cccacaacac aggggccc~~t~~g aaacacgc~~c~~ca gcctctcc~~t~~c t~~t~~gggt~~c~~agc ttggcc~~c~~agt 60  
 cctgctca~~c~~t ggatcacagc ccattgtagg tgggc~~a~~tgg tg~~g~~ggat~~c~~ag g~~g~~cc~~c~~ctggc 120  
 ccacggggag g~~t~~agaagaag ac~~c~~tggtcc~~g~~ tgtaagg~~g~~tc tgagaagg~~t~~g cc~~c~~tggg~~t~~cg 180  
 ggggtgc~~g~~tc ttggc~~c~~ttgc c~~g~~tgcc~~c~~ta tcccc~~c~~ggct gaggc~~a~~gc~~a~~ cacagc~~g~~gt 240  
 10 gcaccaactc c~~a~~g~~c~~cagg~~t~~ta agcaccagg~~g~~ agat~~g~~ag~~t~~cc aaccaccaac atgaagat~~g~~a 300  
 tgaagat~~g~~gt ct~~t~~tc~~c~~cg~~t~~g gggcgagaga caa~~a~~gc~~a~~gtc cacgagg~~t~~ag gggcagg~~g~~gt 360  
 c~~t~~cg~~c~~tg~~g~~ca cacaacac~~g~~ g~~g~~ctccat~~g~~ tccagcc~~g~~ta caggc~~g~~ccac tggccat~~a~~ga 420  
 ggaaggctgc~~c~~ ctctagcaca ct~~t~~ttgc~~a~~ga~~g~~ gcacact~~g~~gc~~c~~ gacat~~g~~ag~~t~~g cccat~~c~~ag~~t~~g 480  
 ctcc~~c~~cg~~g~~at g~~g~~cgagg~~g~~ga~~c~~ccat~~t~~t~~c~~tg ccacc~~g~~ag~~a~~at~~t~~ cttggccat~~c~~ tgac~~g~~ct~~c~~ta 540  
 15 cggcc~~c~~cc~~a~~g c~~g~~ccc~~g~~ctcc ac~~c~~t~~g~~tg~~g~~gt c~~c~~ttggcc~~g~~g c~~a~~gt~~g~~ccc~~g~~c agctcccc~~c~~ 600  
 c~~c~~ttctg~~c~~cg c~~a~~g~~c~~cg~~c~~t~~c~~t t~~c~~tc~~g~~cc~~g~~ag acaggtaat gacat~~g~~gccc aggttagac~~g~~ca 660  
 ggg~~t~~gggtgt g~~c~~t~~g~~ac~~g~~ga~~a~~g aggaaact~~g~~ca~~c~~ g~~c~~ac~~c~~c~~g~~ta~~a~~ g~~c~~ggat~~g~~t~~g~~g gagatggg~~g~~ga 720  
 agg~~c~~c~~t~~gg~~t~~c at~~a~~g~~c~~ag~~a~~g~~c~~ tt~~g~~gt~~g~~cg~~a~~g~~c~~ ct~~g~~g~~c~~t~~g~~gg~~c~~ c~~g~~t~~g~~t~~i~~ac~~a~~c~~a~~ tcgaaat~~c~~tg 780  
 20 act~~g~~ct~~c~~gt~~c~~ ac~~c~~cc~~a~~act~~a~~ g~~a~~ct~~c~~g~~c~~cc~~g~~ ccaggccc~~a~~g gat~~g~~agg~~g~~at~~g~~ cg~~g~~aag~~a~~at~~g~~ga 840  
 agagcacc~~g~~t c~~a~~g~~c~~c~~a~~g~~a~~tc tt~~ac~~cc~~ac~~ca~~a~~ c~~g~~gt~~c~~ag~~g~~tg~~c~~ t~~c~~c~~ct~~gg~~a~~cc tgg~~t~~cc~~c~~ag~~g~~ca 900  
 act~~t~~ctcc~~c~~ac gaagcccc~~a~~g tc~~ac~~cc~~c~~at~~g~~g~~c~~ ct~~cc~~ccgg~~g~~cc t~~c~~c~~gt~~cg~~g~~ca aggagac~~g~~ga 960  
 gcac~~g~~t~~c~~agt g~~t~~gt~~c~~ag~~g~~cat g~~g~~cat~~c~~tt~~c~~ tc~~gt~~tc~~g~~cc~~g~~cc ag~~c~~aca~~a~~ag~~c~~ ct~~g~~cagg~~g~~gag~~c~~ 1020  
 gt~~c~~t~~g~~cc~~c~~ac~~g~~ cccgttctac~~c~~ cg~~c~~ct~~g~~gc~~c~~tg~~c~~ cc~~gg~~g~~c~~gg~~g~~cc~~c~~ c~~ag~~gt~~g~~gagg~~g~~ tgg~~g~~gac~~g~~at~~c~~ 1080  
 ggcc~~g~~gag~~t~~g ac~~g~~cccc~~c~~g~~c~~  
 25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1015 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

10

```

gaggataggg agcctgggt caggagtgtg ggagacacag cgagactctg tctccaaaaa 60
aaaaagtgc ttttaaaat gttgagggtg aaatgatggg aaccaacatt ctttgat 120
15 agtggggagc ataatagcaa acacccctt gtttcgcaca tgtacaggaa tgggaccag 180
ttggggcaca gccatggact tccccggccct ggaatgtgtg gtgcaaagtg gggccaggc 240
ccagacccaa gaggagaggg tggtccgcag acacccggg atgtcagcat ccccgacct 300
gccttctggc ggcacccccc ggggtctgtg ttgagtcagc aggcatgggg tgagagctg 360
gtatatgctg gaaacagggt gcaggggcca agcgttcctc cttcagcctt gacttggcc 420
20 atgcacccccc tctcccccaa acacaaacaa gcacttctcc agtatggtc caggacaggt 480
gtcccttcag tcctctgtt atgacactcaa gtcctacttg ggccttcag cccagccgt 540
gttgtaacct ctgcgtcctc aagaccacac ctggaaagatt cttcttcct ttgaaggaga 600
atcatcattt gtcctttatc acttctaaga cattttgtac ggcacggaca agttaaacag 660
aatgtgcttc cttccctggg gtctcacacg ctcccacag aatgccacag gggccgtgca 720
25 ctgggcaggc ttctctgttag aaccccaagg gcttcggccc agaccacagc gtcttgcct 780
gagcctagag cagggagttc cgaacctctg cattcacaga ccacccac aattgttata 840
accaaaggcc tcctgttctg ttatccact taaatcaaca tgctatttt gtttcaactca 900
cttctgactt tagcctcgtg ctgagccgt tatccatgca gtcatgttca cgtgctagtt 960
acgttttct tcttacacat gaaaataaat gcataagtgt tagaagaaaa aaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2313 Basenpaare  
 35 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

40 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

---

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

15

	ccagagcagg cctgggtggt g	agcagggacg gtgcaccgga	cggcgggatc gagcaaatgg	60
	gtctggccat ggagcacgga	gggtcctacg ctcgggcggg	gggcagctct cggggctgct	120
20	ggtattacct ggcgtacttc	ttcctcttcg tctccctcat	ccaattcctc atcatcctgg	180
	ggctcgtgct cttcatggtc	tatggcaacg tgcaagttag	cacagagtcc aacctgcagg	240
	ccaccgagcg ccgagccgag	ggcctataaca gtcagctcct	agggctcacg gcctcccagt	300
	ccaaacttgac caaggagctc	aacctcacca cccgcgccaa	ggatgccatc atgcagatgt	360
	ggctgaatgc tcgcccgcac	ctggaccgcg tcaatgcccag	tttccgcag tgccagggtg	420
25	accgggtcat ctacacgaaac	aatcagaggt acatggctgc	catcatcttg agtgagaagc	480
	aatgcagaga tcaattcaag	gacatgaaca agagctgcga	tgccttgctc ttcatgctga	540
	atcagaaggt gaagacgtg	gaggtggaga tagccaagga	gaagaccatt tgcaactaagg	600
	ataaggaaag cgtgctgtg	aacaaacgcg tggcgagga	acagctggtt gaatgcgtga	660
	aaacccggga gctgcagcac	caagagcgc actggccaag	gagcaactgc aaaaggtgca	720
30	agccctctgc ctgccccctgg	acaaggacaa gttttagatg	gaccttcgta acctgtggag	780
	ggactccatt atccccacgc	gcctggacaa cctgggttac	aacctctacc atccccctggg	840
	ctcggaaattt gcctccatcc	gcagagcctg cgaccacatg	cccagcctca tgagctccaa	900
	ggtgtggaggag ctggcccgga	gcctccgggc ggtatatcgaa	cgcgtggccc gcgagaactc	960
35	agacctccaa cgccagaagc	tgaagccca gcagggcctg	cgggccagtc aggaggcgaa	1020
	acagaagggt gagaaggagg	ctcaggcccc ggagggcaag	ctccaagctg aatgctcccg	1080
	gcagacccag ctgcgtctgg	aggagaaggc ggtgctgcgg	aaggaacgag acaacctggc	1140
	caaggagctg gaagagaaga	agagggaggc ggagcagctc	aggatggagc tggccatcag	1200
40	aaactcagcc ctggacaccc	gcatcaagac caagtgcag	ccgatgatgc cagtgtcaag	1260
	gccccatgggc cctgtccca	accccccagcc catgaccca	gctagcctgg aggagttcaa	1320
	gaggaagatc ctggagttcc	agaggcccc tgcaggcattc	cctgttagccc catccagtt	1380
45	ctgaggaggc tccaggcccg	aggaccaagg gatggcccga	ctcggcggtt tgcggaggat	1440
	gcaggatata gtcacacgcg	cccgacacaaa cccctcccc	ccgcccccaa ccacccagg	1500
	ccaccatcg acaactccct	gcatgcaaac ccctagttacc	ctctcacacc cgcaccccg	1560
	cctcacatc cctcacccag	agcacacgcg cgccgagatg	acgtcacgcg agcaacggcg	1620
	ctgacgtcac atatcacccgt	ggtgatggcg tcacgtggcc	atgtagacgt cacgaagaga	1680
	tatagcgatg gcgtcgatc	gatgcagcac gacatgggaa	acttggcatg	1740

acgtcacacc gagatgcagc aacgacgtca cgggccatgt cgacgtcaca cataattaatg 1800  
 tcacacagac gcggcgatgg catcacacag acggtgatga tgcacacac agacacagtg 1860  
 acaacacaca ccatgacaac gacacctata gatatggcac caacatcaca tgcacgcac 1920  
 cccttcaca cacactttct acccaattct cacctagtgt cacgttcccc cgaccctggc 1980  
 5 acacgggcca aggtaccac aggatccat cccctcccgc acagccctgg gccccagcac 2040  
 ctcccctcct ccagcttcct ggcctccag ccacttcctc acccccagtg cctggaccg 2100  
 gaggtgagaa caggaagcca ttcacctccg ctccttgagc gtgagtgttt ccaggacccc 2160  
 ctcggggccc tgagccgggg gtgagggtca cctgttgtcg ggaggggagc cactcctct 2220  
 ccccaactc ccagccctgc ctgtggcccg ttgaaaatgtt ggtggactt aataaatatt 2280  
 10 agtaaatcct taaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa

---

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 389 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

5 gccaaaaaaga tggcttcaa agtaagaatg aaacatttga tccattcagc tttaggctat 60  
gccactggat tcatgtctag aaaagatagg ataatttctg taaagaaaatg aagaccttgc 120  
tattctaaaa tcagatccct acagatccag atttcaggaa acaaatacat aggggactaa 180  
cttccttgat tcagattagt ttttctcctt tgcacccagc tatataatat gaggaagtat 240  
tgactttta aaagtgtttt agttttccat ttctttgata tgaaaagtaa tatttcggga 300  
gaaccctgag ctattaataa tctatgtgc tagtgcgtat atattggct gaatttggc 360  
tcctttgtg gtgtccagtg ggtaacatc

---

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 157 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

20 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

35

tgctttaaac agctgtgtca aaaactgaca tcagagagta aattgaattt ggttttgttag 60  
 gaaggcagggaa gcaagcccac tcaaacgtga aatttggcat gagggatcca gtaactttct 120  
 cctcaatctg tgaactatat gtgagttga tattttg

5

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:**

---

**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- 10           (A) LÄNGE: 561 Basenpaare  
              (B) TYP: Nukleinsäure  
              (C) STRANG: einzel  
              (D) TOPOLOGIE: linear

15           (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
              hergestellte partielle cDNAs

             (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20           (iii) ANTI-SENSE: NEIN

**(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
              (C) ORGAN: Endothelzelle

25           (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
              (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

aatagtcaaa acataaaacaa aagctaatta actggcactg ttgtcacctg agactaagtg 60  
 gatgtgttg gctgacatac aggctcagcc agcagagaaa gaattctgaa ttcccccttgc 120  
 35           tgaactgaac tattctgtta catatggttg acaaatactgt gtgttatttc ttttctaccc 180

accatattta aat-ttatgag tatcaaccga ggacatagtc aaaccttcga tgatgaacat 240  
 tcctgattt ttgcctgatt aatctctgtt gagctctact tgggtcatt caagatttt 300  
 tgatgtgaa aggaaaagtg aatatgacct taaaaaattt tattttgggt gatgatagtc 360  
 5 tcaccactat aaaactgtca attattgcct aatgttaaag atatccatca ttgtgattaa 420  
 ttaaacctat aatgagtatt cttaatggag aattcttaat ggatggatta tcccctgatc 480  
 tttctttaa aatttctctg cacacacagg acttctcatt ttccaataaa tgggtgtact 540  
 ctgccccat ttcttagggaa a

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1508 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

35

cacaaacacg agagactcca cggctcgctt gagcaccggcc agcctccttag gctccagcac 60

tcgcaggtcc attcttcgc acgagcctct ctgtccagat ccataagcac ggtcagctca 120  
 gggtcgcgga gcagtagcag gacaagtacc agcagcagct cctctgaaca gagactgcta 180  
 ggatcatcct ttcctccgg gcctgttgc gatggcataa tccgggtgca acccaaatct 240  
 5 gagctcaagc caggtgagct taagccactg agcaaggaag atttgggcct gcacgcctac 300  
 aggtgtgagg actgtggcaa gtgcaaattgt aaggagtgc cctacccaag gcctctgcc 360  
 tcagactgga tctgcgacaa gcagtgcctt tgctcgccccc agaacgtgat tgactatggg 420  
 acttgttat gctgtgtaa aggtctcttc tatcaactgtt ctaatgatga tgaggacaac 480  
 tgtgctgaca acccatgttc ttgcagccag tctcaactgtt gtacacgtgat gtcagccatg 540  
 10 ggtgtcatgt ccctttttt gcctgttta tggtgttacc ttccagccaa gggttgcctt 600  
 aaattgtgcc aggggtgtta tgaccgggtt aacaggcctg gttgcccctg taaaaactca 660  
 aacacagttt gctgcaaagt tcccactgtc cccccttagga actttgaaaa accaacatag 720  
 catcattaat caggaatatt acagtaatga ggatttttc tttctttttt taatacacat 780  
 atgcaaccaa ctaaacagtt ataatcttg cactgttaat agaaagttgg gatagtctt 840  
 15 gctgttgcg gtgaaatgct ttttgcctt gtcgcgtttt aactgatatg cttgttagaa 900  
 ctcagctaattt ggagctcaaa gatatgagata cagaacttgg tgacccatgtt attgcataag 960  
 ctaaagcaac acagacactc cttaggcaaaag tttttgtttt tgaatagtac ttgcaaaaact 1020  
 tgtaaattag cagatgactt ttttccattt ttttctccag agagaatgtg cstatattttt 1080  
 gtatatacaa taatatttgc aactgtgaaa aacaagtggt gccatactac atggcacaga 1140  
 cacaaaatata tatactaata ttttgcctt cagaaagccctt ttattgttaag actctgattt ccctttggac 1200  
 ttagattgtt ttttgcctt cagaaagccctt ttattgttaag actctgattt ccctttggac 1260  
 ttcatgtata ttgtacagtt acagtaaaat tcaaccttta ttttctaattt ttttcaacat 1320  
 attgttagt gtaaagaata ttatattgaa gttttattttt ttttataaaaaa agaatattta 1380  
 ttttaagagg catcttacaa attttgcctt ttttatgagg atgtgatagt tgctgcaaatt 1440  
 25 gaggggttac agatgcatat gtcacatata aaatagaaaa tatattaacg tttgaaattta 1500  
 aaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 389 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

10 gggcaggtga tcagggcaca catttcccgta ccattgagac agtagcattc ccggcaccca 60  
tcgtgccagc tctcctcatt ttatgtatga tgaccatcca cggtgagaca agtgccgcac 120  
aggatgggtg gcccagctga agcacaggcc gctctgcact tgcagataag acagccgtga 180  
ctgtcctgct ggaaacccaa ggggcagatc ttactgcatt agagctctgg acatttctta 240  
cagcgcacaga tgtcacagcc gtgcattttc ttcaagcaatc caagtggaca atacttgtca 300  
cagattatgg gtctgcactt ctgggcctt gggcggcact cacagatctc acagtttgg 360  
acctcggccg cgaccacgct gggtaaccga

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 981 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

	tttttttttt ttggattgca aaaatttatt aaaattggag acactgtttt aatcttcttg	60
10	tgccatgaga ctccatcagg cagtctacaa agaccactgg gaggctgagg atcaacttgag	120
	cccagaagtt tgaggctgta gtaagcttca aaggccactg cactctagct tgggtgaggc	180
	aagacccttt caagcagtaa gctgcattgt tgcttggat ggtcattaaa aacccttagtt	240
	taggataaca acatattaat cagggcaaaa tacaaaatgtg tgatgcttgt tagtagagta	300
	acctcagaat caaaatggaa cggttttaca gtgatcat tatatttcat ttggcagaat	360
	cattacatca ttggttcacac tggaaatcat cacatgtacc aaaagctgac tcaccttagtt	420
	taggataaca ggtctgcctg ttgaagatg aaaaataata cccattttaaa atttgcccta	480
	ctcaattttcc ttctcagtc cattttaact tttaaacagc taatcactcc catctacaga	540
	ttaagggtgt tatgccacca aaacctttt ccaccttaaa aatttcccttc aaagtttaaa	600
	ctaattgcctg catttcttca atcatgaatt ctgagtcctt tgcttcttta aaacttgctc	660
20	cacacagtgt agtcaagccg actctccata cccaagcaag tcatccatgg ataaaaaacgt	720
	taccaggagc agaaccatta agtggtcca ggcaagttgg actccaccat ttcaacttcc	780
	agctttctgt ctaatgcctg tggccaatg gcttgagttt ggcttgctct ttaggacttc	840
	agtagctatt ctcattccctc ctggggaca caactgtcca taaggtgcta tccagagcca	900
25	cactgcattt gcacccagca ccatacctca caggagtcga ctccccacgag ccgcctgtat	960
	ataagagttc ttttgatgac g	

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 401 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

15 ataactacag cttcagcaaga caactaaaga gactgcatta aggtgatttc tctggctata 60  
aagagagccc ggccgcagag catgtgactg ctgggacctc tgggataggc aacactgccc 120  
tctctcccccc agagcgaccc cccgggcagg tcggggccca aggaatgacc cagcaactgc 180  
tccctaccca gcacactctc ttactgccca cctgcaattta tgctgtgaag atgactgggt 240  
gtggtcatca cgattcagag aaatcaagat ctatgaccat tttaggcaaa gagagaaaact 300  
tggagaatttg ctgaggacta ctgaaccttg ttttgctttt ttaaaaaata ctaaatcctc 360  
20 acttcagcat atttagtgt cattaaaatt aagctgatat t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1002 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

15	gacaatataa aaagtggaaa caagcataaaa ttgcagacat aaaataatct tctggtagaa 60 acagtgtgg agaacagggtt gagtagagca acaaacaacaa aagcttatgc agtcaccttc 120 tttggaaaatg ttaaatacaa gtcctattct ctttgtccag ctgggttag ctagaggtag 180 ccaattactt ctcttaaggt ccatggcatt cgccaggatt ctataaaagc caagtttaact 240 gaagtaaataa tctggggccc atcgcacccc cactaagtac tttgtcacca tggtgtatct 300 taaaagtcat ttttcaactgt ttgactcaga atttggact tcagagtcaa acttcattgc 360
20	ttactccaaa cccagttaa ttccccactt ttttaagtag gcttagctt gagtgatttt 420 tggctataac cgaaatgtaa atccacaccc aaacaacaaa gtttgacaag actgaaatgt 480 tactgaaaac aatggtgcca tatgctccaa agacattcc ccaagataac tgccaaagag 540 ttttttaggaa ggacaatgtat catttattat gtaggagcct tgatatctt gcaaaataga 600 attaatacag ctcaaatgga gtagtaacca agctttctg cccaggaagt aacaaacatc 660
25	actacagaaca tgagagttaca agaggaaact ttctataatgc attttttcat tcatacatcc 720 attcaataaa cattagccaa gctaatgtcc caagccactg tgccaggtat taacaatata 780 acaacaataa aagacacagt ctttcctctc aagggtttca gtcttagttagg gaagatgatt 840 attcattaaa atttttggtg catcagaatc atgaggagct tgtcaaaaaat gttaattcct 900 gcctatgttc tcagatattc tggtaggtc aggagtggaa acccaaaaatc aattctttta 960 acaaacacta aagggtgattc taacacagggc ggtgtgagga cc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

20 cgaggtgggc cacccgtgtc tggtctgaga tttttaatg aggattacat tatacttattt 60  
ataatatattcc tattctaatac tattgtattc ttacaattaa atgtatcaaa taattcttaa 120  
aacattattt agaaaacaaac tgcctaatac cttataagac taaaaaaaaaccatga 180  
aactgtatta tgactctcaa tatttaaca ttaaaaaaaaa tgtagtggtt tgttaaggcac 240  
caatcttaac tatttcacctt gcccgggcgg ccgctcgagg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2041 Basenpaare

30 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

15

	ccccccgcag aactcccccc tggaatagga ttttaaaac cttgacaat tagaaatcct 60
	atagaggtta gcattttta ggtaaaaata tggtgcccc tacaggatc atgcaacttc 120
	cttaaaacca attcagcaca tatgtataaa gaacccttt taaaacatt tgtacttcaa 180
20	atacagacac agtgatgtg aagacactaa acaaaaactg aaaagacta taccttgata 240
	aattttgtta ttgccttctt tagagactt ataatctcta gttgattttc aaggacttga 300
	atthaataat gggtaatta cacaagacgt aaaggattt taaaaacaa gtatTTTTT 360
	ttacctctag catcaattct ttataaaaga atgctaaata aattacattt tttgttcagt 420
	aaaactgaag atagaccatt taaatgttc taccaaattt aacgcagctt aattaggac 480
25	caggtacata ttttcttctg aacattttt gtcaggatc tctaaccata aaagcaaatg 540
	gaattttaag aggttagattt ttttccatg atgcattttt ttaataaaatg tgtcaagaaa 600
	ataaaaacaa gcactgagtg ttttcttctg aagtataagg gtctaattgaa aaataaaaga 660
	tagatatttg ttatagtctg acattttAAC agtcatagta ttagacgtt cgtgaccagt 720
	gcattttgga ctctctcagg atcaaaatac gagtctgcc actgtattaa atcctcctcc 780
30	accccctcca ccagggtgc cacagcttcc tgggggtcg ttgtcatcaa atccattggg 840
	ccgaaatgaa catgaagcag atgcagctt gaggcccgg gctcagcat tcaactctt 900
	ttcctgtaaa tatagtttat ttttcttctt tatacatcc ataaggattt tctgttagagg 960
	tgggtctcca ttatccaga gtccactgg tgggttatta ccactaaac cattagtaact 1020
	atgcttttt ttataaaaaa gcacataagc ttttcttctt ggaaacctgc tcgtatTTT 1080
35	ctggactgac taaaatgtcac ttttcttctt ttaaataaaa acccattttt 1140
	ttgacatttc ttatTTCC aaatctgtt caaaaactgc actggacta tctctcccta 1200
	gtaaatgtact ctgggaggat gtaatgccca gagcctcaga ctgggtgtac atctgatatg 1260
	aagagtctgt acttgtata ttttcttctt aagaatagta atgccactt tcagaggata 1320
	taccagagt aaccacaacg gaacttaata gatagggcac caattttgtg caggaagctt 1380
40	catcagtccc tgaaggctt aatttttttcaagtttcc actaagatca gtgaagtcaa 1440
	catctacaga ccaactttctt gacaatgaag agaaaagaagt aattcttctt actggcaact 1500
	ccaaaaccag tggccagtg tacattgtct aaaattttcc ttctcacatg atacttctga 1560
	tcatatgaaa atctcaggag agtaagaata aggtattcag gttcctccgt gatttgcata 1620
	gttttctcag cattttgcag agaggcacag ttttccaaat aatattggtt atcaccagta 1680
45	agaatctctg gagccaaaaa aataatttag taagtcaattt actgaaggtg tggtttccacc 1740

tccccggtttc tgaggtacat ctttattaaac aagaatcttg ttagattcgt tagggacaga 1800  
agtgtttca gaacagtaaa actcattagg aggactgcct atggttttt cattcacaag 1860  
tgagtcacag atgaaggcag ctgttgttgg attataaact actggctctt ctgaaggacc 1920  
gggtacagac gcttgcatta gaccaccatc ttgtatactg ggtgatgatg ctggatctt 1980  
5 gacagacatg tttccaaag aagaggaagc aaaaaacgca agcgaaagat ctgtaaaaggc 2040  
t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

35

cgcggccggc aggtgtcagg ggttccaaac cagcctgggg aaacacagcg tagacccttc 60  
acctctacaa ataaaaattt aaaaaatttg ccaggtgtgg cagcgaacaa ctgttagtctc 120

agataactcag gagactgagc tggaaaggat cacttgagcc caagaagtgc aaggttacag 180  
 tggccacga tcatgtcatt acactccagc ttgggtgaca aaatgagact gtcta

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2732 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

30  
 gtgtggagtt tcagctgcta ttgactataa gagctatgga acagaaaaag cttgctggct 60  
 tcatgttcat aactacttta tatggagctt catggacct gttaccttca ttattctgct 120  
 aaatattatc ttcttggtga tcacattgtg caaaatggtg aagcattcaa acactttgaa 180  
 accagattct agcaggttgg aaaacattaa gtcttgggtg cttggcgctt tcgctttct 240  
 35 gtgtcttctt ggcctcacct ggtcctttgg gttgctttt attaatgagg agactattgt 300  
 gatggcatat ctcttcacta tatataatgc ttccagggta gtgttcattt tcattttca 360

ctgtgctc caaaagaaaac tacgaaaaaga atatggcaag tgcitcagac actcatactg 420  
 ctgtggaggc ctcccaactg agagtccccca cagttcagtg aaggcatcaa ccaccagaac 480  
 cagtgctcgc tattccctcg gcacacagag tcgtataaga agaatgtgga atgatactgt 540  
 gagaaaaacaa tcagaatctt ctttatctc aggtgacatc aatagcactt caacacttaa 600  
 5 tcaagggtggc ataaatctt atatattatt acaggactga catcacatgg tctgagagcc 660  
 catcttcaag atttatatca tttagaggac attcactgaa caatgccagg gatacaagtg 720  
 ccatggatac tctaccgcta aatggtaatt ttaacaacag ctactcgctg cacaagggtg 780  
 10 actataatga cagcgtgcaa gttgtggact gtgactaag tctgaatgat actgctttg 840  
 agaaaatgt catttcagaa tttagtgcaca acaacttacg gggcagcagc aagactcaca 900  
 acctcgagct cacgctacca gtcaaaccctg tgattggagg tagcagcagt gaagatgatg 960  
 15 ctatttgtgc agatgcttca tcttaatgc acagcgacaa cccagggctg gagctccatc 1020  
 acaaagaact cgagggcacca cttattccctc agcggactca ctcccttctg taccacccc 1080  
 agaagaaaagt gaagtccgag ggaactgaca gctatgtctc ccaactgaca gcagaggctg 1140  
 aagatcacct acagtcccc aacagagact ctcttatac aagcatgccc aatcttagag 1200  
 actctcccta tccggagagc agccctgaca tggagaaga cctctctccc tccaggagga 1260  
 gtgagaatga ggacatttac tataaaagca tgccaaatct tggagctggc catcagcttc 1320  
 agatgtgcta ccagatcagc aggggcaata gtgatggta tataatcccc attaacaaag 1380  
 aagggtgtat tccagaagga gatgttagag aaggacaaat gcagctggtt acaagtctt 1440  
 aatcatacag ctaaggaatt ccaagggcca catgcgagta ttaataaata aagacaccat 1500  
 tggcctgacg cagctccctc aaactctgtt tgaagagatg actcttgacc tgtggttctc 1560  
 tggtgtaaaa aagatgactg aacccctgca ttctgtgaat tttataaaa catacaaaaa 1620  
 ctttgtatat acacagagta tactaaagtg aattattgt tacaagaaa agagatgcca 1680  
 gccaggtatt ttaagattct gctgctgtt agagaaattg taaaacaagc aaaacaaaac 1740  
 25 tttccagcca ttttactgca gcagtctgtg aactaaattt gtaaatatgg ctgcaccatt 1800  
 tttgtaggcc tgcattgtat tatatacaag acgtaggctt taaaatcctg tgggacaaaat 1860  
 ttactgtacc ttactattcc tgacaagact tggaaaagca ggagagat tctgcattcag 1920  
 tttcagttc actgcaaattt ttttacatata aggaaaagat taaaacatg cttaaccact 1980  
 agcaatcaag ccacaggcct tatttcataat gtttccctcaa ctgtacaatg aactattctc 2040  
 atgaaaaatg gctaaagaaa ttatatttg ttctattgtt agggtaaaat aaatacattt 2100  
 30 gtgtccaaact gaaatataat tgcattaaa ataattttaa agagtgaaga aaatattgtg 2160  
 aaaagctctt ggttgcacat gttatgaaat gtttttctt acacttgc atggtaagtt 2220  
 ctactcattt tcacttctt tccactgtat acagtgttct gctttgacaa agttagtctt 2280  
 tattacttac atttaaattt cttattgcca aaagaacgtg ttttatgggg agaaacaaaac 2340  
 tctttgaagc cagttatgtc atgccttgca caaaagtgtat gaaatctaga aaagattgtg 2400  
 35 tgtcacccct gtttattctt gaacagaggg caaagagggc actggcact tctcacaaaac 2460  
 tttctagtga aaaaaaggta cctattctt tttaaaaaaa taaaataaaa cataaatattt 2520  
 actctccat attccttctg cctatattta gtaattaattt tattttatga taaagttcta 2580  
 atgaaatgt aattgtttca gcaaaaattct gctttttttt catcccttgc tgtaaacctg 2640  
 ttaataatga gcccacatca aatatccagt gtaaagtttta acacggtttg acagtaaata 2700  
 aatgtgaatt tttcaagtt aaaaaaaaaaa aa

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 276 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

20 ctcctaaat gattttaaaa taaattggat aaacatatga tataaagtgg gtactttaga 60  
aaccgccttt gcatatttt tatgtacaaa tcttgtata caattccgat gttccttata 120  
tattccctat atagcaaacc aaaaccaga cctcccaact gcatgcctca agtccctgtg 180  
gagcactctg gcaactggat ggcctactt gctttctgac aaaatagctg gaaaggagga 240  
gggaccaatt aaatacctcg gccgcgacca cgctgg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

15

	attgtaccag	ccttgatgaa	cgtggccct	gcttcgctt	tgagggccat	aagtcattg	60
	cccactggtt	tagaggctac	cttatcattg	tctccgtga	ccggaaggtt	tctcccaagt	120
	cagagttac	cagcagggat	tcacagagct	ccgacaagca	gattctaaac	atctatgacc	180
20	tgtgcaacaa	gttcatagcc	tatagcaccg	tcttgagga	tgttagtggat	gtgcttgcgt	240
	agtggggctc	cctgtacgtg	ctgacgcggg	atggcggggt	ccacgcactg	caggagaagg	300
	acacacagac	caaactggag	atgctgttta	agaagaacct	attttagatg	gcgattaacc	360
	ttgccaagag	ccagcatctg	gacagtgatg	ggctggccca	gattttcatg	cagtatggag	420
	accatctcta	cagcaagggc	aaccacgatg	gggctgtcca	gcaatatatac	cgaaccattg	480
	gaaagttgga	gccatcttac	gtgatccgca	agtttctgga	tgcccagcgc	attcacaaacc	540
25	tgactgccta	cctgcagacc	ctgcaccgac	aatccctggc	caatgcccac	cataccaccc	600
	tgctccctaa	ctgctatacc	aagctcaagg	acagctcgaa	gctggaggag	ttcatcaaga	660
	aaaagagtga	gagtgaagtc	cactttgatg	tggagacagc	catcaaggtc	ctccggcagg	720
	ctggctacta	ctccccatgcc	ctgtatctgg	cggagaacca	tgcacatcat	gagtggtaacc	780
30	tgaagatcca	gctagaagac	attaagaatt	atcaggaacg	cttcgatac	atcggcaacg	840
	tgcctttga	gcaggcagag	agaacatga	agcgctacgg	caagatctc	atgcaccaca	900
	taccagagca	gacaacttcag	ttgctgaagg	gactttgtac	tgattatcgg	cccagcctcg	960
	aaggccgcag	cgataggggag	gcccccaggct	gcagggccaa	ctctgaggag	ttcatcccc	1020
	tctttgccaa	taaccgcgca	gagctgaaag	ccttcctaga	gcacatgagt	gaagtgcagc	1080
35	cagactcacc	ccaggggatc	tacgacacac	tccttgagct	gcgactgcag	aactgggccc	1140
	acgagaagga	tccacaggtc	aaagagaagc	ttcacgcaga	ggccatttcc	ctgctgaaga	1200
	gtggtcgtt	ctgcgcacgtc	tttgacaagg	ccctggcct	gtgccagatg	cacgacttcc	1260
	aggatggtgt	cctttaacctt	tatgagcagg	ggaagctgtt	ccagcagatc	atgcactacc	1320
	acatgcagca	cgagcagttac	cggcaggatca	tcagcgtgtg	tgagcgcct	ggggagcagg	1380
40	accccttcrr	gtggggagcag	gccctcagct	acttcgctcg	caaggaggag	gactgcaagg	1440
	agtatgtggc	agctgtcctc	aagcatatcg	agaacaagaa	cctcatgcca	cctcttctag	1500
	tggtgtcagac	cctggcccac	aactccacag	ccacactctc	cgtcatcagg	gactacctgg	1560
	tccaaaaact	acagaaaacag	agccagcaga	ttgcacagga	tgagctgcgg	gtgcggcggt	1620
	accgagagga	gaccacccgt	atccgcagg	agatccaaga	gctcaaggcc	agtcctaaga	1680
45	ttttccaaaa	gaccaagtgc	agcatctgta	acagtgcctt	ggagttgccc	tcaagtccact	1740

tcctgtgtgg ccactccccc caccaacact gctttgagag ttactcggaa agtgatgctg 1800  
 actgc(cccac ctgcctccct gaaaaccgga aggtcatgga tatgatccgg gcccaggAAC 1860  
 agaaacgaga tctccatgat caattccagc atcagctcaa gtgctccaat gacagctttt 1920  
 5 ctgtgattgc tgactacttt ggcagaggtg tttcaacaa attgactctg ctgaccgacc 1980  
 ctccccacagc cagactgacc tccagcctgg aggctggct gcaacgcgac ctactcatgc 2040  
 actccaggag gggcacttaa gcagcctgga ggaagatgtg ggcaacagtg gaggaccaag 2100  
 agaacagaca caatgggacc tgggcggcg ttacacagaa ggctggctga catgcccagg 2160  
 gctccactct catctaattgt cacagccctc acaagactaa agcggactt tttctttcc 2220  
 ctggccttcc ttaatttaa gtcaagctg gcaatccctt cctcttaac taggcaggtg 2280  
 10 ttagaatcat ttccagatta atggggggga aggggaacct caggcaaacc tcctgaagtt 2340  
 ttggaaaaaa aagctggttt c

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:**

15

**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear

**(ii) MOLEKÜLTYP:** Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25

**(iii) HYPOTHETISCH:** NEIN

**(iii) ANTI-SENSE:** NEIN

**(vi) HERKUNFT:**

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG:** SEQ ID NO: 21:

5           aggtgttaga tgctcttcaa aaagaaaactg catctaagct gtcagaaaatg gattttta 60  
      acaatcaact aaaggaactg agagaaacct acaacacaca gcagttagcc cttgaacacgc 120  
      tttataagat caacgtgaca agttgaagga aattgaaagg aaaaaattag aactaatgc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

10           (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 905 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15           (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20           (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25           (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30           (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

tttttttttt ttcttttaacc gtgtggtctt tatttcagtg ccagtgttac agataacaaca 60

	caaatgttcc	agttagaagg	aatccaacg	gaatgccaag	gtccaagcca	ggctcaagaa	120
	ataaaaaggg	aggtttggag	taatagataa	gatgactcca	atactcactc	tccctaaggg	180
5	caaaggtaact	tttgatacacg	agtctgatct	ttgaaactgg	tgaactcctc	ttccaccat	240
	taccatagtt	caaacaggca	agttatgggc	tttaggacac	tttaaaattt	gtggtggaa	300
	tagggtcatt	aataactatg	aatatatctt	ttagaaggtg	accattttgc	actttaaagg	360
	gaatcaattt	tgaaaatcat	ggagactatt	catgactaca	gctaaagaat	ggcgagaaag	420
	gggagctgga	agagccttgg	aagtttctat	tacaataga	gcaccatatac	tttcatgcc	480
10	aatctcaaca	aaagctctt	ttaactccat	ctgtccagtg	tttacaaata	aactcgcaag	540
	gtctgaccag	ttcttggtaa	caaacataca	tgtgtgtgc	tgtgtgtata	cagcaatgca	600
	cagaaaaggc	taccaggagc	ctaattgcctc	tttcaaacat	tgggggaacc	agttagaaaaa	660
	ggcagggctc	cctaattgtcc	attattacat	ttccattccg	aatgccagat	gttaaaagtg	720
	cctgaagatg	gtaacccagc	tagtgaggaa	taaatacccc	accttgccca	gtccacagag	780
15	aaacaacagt	agaaagaagg	ggcaactctt	tgctcgagag	acaaagttag	tgttttttcg	840
	ccatggattt	cagtccctctc	ctccagacca	gctgcttatt	tcctcagggg	cccaggaaat	900
	gttga						

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 213 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

5 ggtcttttct ttcccttttt tttttccaaa agtgttcttt tatttcagt aacatatatt 60  
 gtataaatac tctattttat atgcacttcc acaaaagcga tataattaa aagtttttt 120  
 cattagaaaat aaatgtataa aaataaaatat gttattatag gcatttatta ctaactatag 180  
 tccttcttgg aaggaacacc caaaccaata cttataaagt acatgtaatt tatagttaaca 240  
 tattttacta tatacatatg gaaaaaatca tattctcaca gaagagctga acagacattc 300  
 10 accaggatac gactgttgg a cagctgctg gagatggacc tgctacccct cagcagccctc 360  
 cccaccacaa gacaagtgtat ctcatgttcc ccaaaccctgt gggaccctgt tctacacacc 420  
 tcattttgt tccggcggtt catcctcctt gtgtgattgt actgattttc atgagacaca 480  
 agttacttct ttacatccat attcccaaag cagggttaca tggtaggaaa gaaaggaagt 540  
 tggaggtact aagctcatgg tgcctcttctt agcttttacc agcatcta at gcttcactgc 600  
 15 ttttttcca ttgttagactt taatgcaccc tt gaataaatac atggagttgt tttttccctca 660  
 aaatgaatta cacaataaaa gactgagatg gtccaaaaaaaa ggaaagagga agccatttgc 720  
 gttatttcac gtgcgtgac ct tttctctca tggtagaaca tctgaagttt taattctcgg 780  
 tagaaataat gtataaacaat tctctgaaac catagcagcc ataaacagtgc ctggtcaaag 840  
 20 atcctatttg tactccttcc tccccccattt gtttagtgagg taaagaaaaa caggctttag 900  
 taaaatctca ct tttctccctt acttttccatt tcccaacccc catgatacta agtattttgat 960  
 aagtaccagg aaacagggggt tgtaatagttt ctaactttttt ttgacaatttgc ct tttgtttt 1020  
 tctaaacttg taatagatgt aacaaaagaa ataataataa taatgcccgg ggcttttattt 1080  
 tgctatatac ctgcctcagag gttataataatc ctcactaact atcctatcaa atttgcaact 1140  
 ggcagtttac tctgatgatt caactcctt tctatctacc cccataatcc caccttactg 1200  
 25 atacacctca ctggttactg gcaagatacg ctggatccct ccagccttct tgctttccct 1260  
 gcaccagccc ttccctcaactt tgccttgcctc tcaaagctaa caccacttaa accacttaac 1320  
 tgcattctgc cattgtgcaaa aagtctatga aatgttttagg tttctttaaa ggatcacagc 1380  
 tctcatgaga taacacccctt ccatcatggg acagacactt caagcttctt tttttgttaac 1440  
 ccttcccaca ggtcttagaa catgatgacc actccccccag ctgccactgg gggcaggat 1500  
 30 ggtctgcaca aggtctggg tggctggct tcacttccctt tgcacactcg gaagcaggct 1560  
 gtccatttaat gtctcggtat tctaccagtc ttctctgcca acccaattca catgacttag 1620  
 aacattcgcc ccactcttca atgacccatg ctgaaaaagt ggggatagca ttgaaagatt 1680  
 ctttcttctt ctttacgaag taggtgtatt taattttagg tcgaaggca ttgcccacag 1740  
 taagaacctg gatggtcaag ggctcttga gagggctaaa gctgcgaatt ct tttccaatg 1800  
 ccgcagagga gccgctgtac ctcaagacaa caccttgcataatgtct tgctctaagg 1860  
 tggacaaagt gtagtcacca ttaagaatat atgtgccatc agcagcttgc atggcaagaa 1920  
 agctgccatt gttcctggat cccctctgtt tccgctgttt cacttcgatg ttggggctc 1980  
 cagttggaaat tggatgata tcatgatatac caggtttgc actagtaact gatcctgata 2040  
 ttttttaca agtagatcca ttccccccgc aaacaccaca tttatcaaac ttcttttgg 2100  
 40 agtctatgtat gcgatcaca ccagcttttca caca

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1626 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

## (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

20

```

ggacaatttc tagaatctat agtagtatca ggatatattt tgcttaaaa tatattttgg 60
ttattttgaa tacagacatt ggctccaaat tttcatctt gcacaatagt atgactttc 120
actagaacctt ctcaacattt ggaactttg caaatatgag catcatatgt gttaaggctg 180
tatcatttaa tgctatgaga tacattgtt tctccatgt ccaaacaggt gaacaaacgt 240
25 agttgtttt tactgatact aaatgttgc tacctgtat tttatagtat gcacatgtca 300
gaaaaaggca agacaaatgg cctcttgta tgaatacttc ggcaaactta ttgggtcttc 360
attttctgac agacaggatt tgaactcaata ttttagagc ttgcgtagaa tggattacat 420
ggttagttagt cactggtaga aatggtttt agttattgac tcagaattca tctcaggatg 480
aatctttat gtcttttat tgaagcata tctgaattta ctttataaag atggttttag 540
30 aaagctttgt ctaaaaattt ggcctaggaa tggtaacttc atttcagtt gccaagggg 600
agaaaaataa tatgtgtgtt gttatgttt tggtaacata ttatttaggtt ctatctatga 660
atgtatattaa atattttca tattctgtga caagcattt taatttgcaa caagtggagt 720
ccathtagcc cagtggggaa gtcttggAAC tcaggttacc cttgaaggat atgctggcag 780
ccatctctt gatctgtgct taaactgtaa tttatagacc agctaaatcc ctaacttgg 840
35 tctggaatgc attagttatg cttgtacca ttcccagaat ttcaaggggca tcgtgggtt 900
ggtctagtga ttgaaaacac aagaacagag agatccagct gaaaaagagt gatcctcaat 960
atcctaacta actggtcctc aactcaagca gagtttctc actctggcac tgtgatcatg 1020
aaacttagta gagggggattt tggtatattt atacaattt aatacaatgt cttacattga 1080
taaaattctt aaagagcaaa actgcattt atttctgcat ccacattcca atcatattag 1140
40 aactaagata ttatctatg aagatataaa tggtgcagag agacttcat ctgtggattg 1200
cggtgtttct tagggttcct agcactgtat cctgcacaag catgtgatat gtgaaataaa 1260
atggattctt ctatagctaa atgagttccc tctggggaga gttctggcac tgcaatcaca 1320

```

atgccagatg gtgtttatgg gctatttgtg taagtaagtg gtaagatgct atgaagtaag 1380  
 tgggtttgtt ttcatcttat gggaaactctt gatgcatttg cttttgtatg gaataaaat 1440  
 tggtcaata tgatgtcatt caactttgca ttgaattgaa ttttgggttgt atttatatgt 1500  
 attatacctg tcacgcttct agttgcttca accattttat aaccattttt gtacatattt 1560  
 tacttgaaaa tattttaaat gggaaatttaa ataaacattt gatagtttac ataataaaaa 1620  
 aaaaaaa

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:**

10

**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 1420 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

**(ii) MOLEKÜLTYP:** Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

20

**(iii) HYPOTHETISCH:** NEIN

**(iii) ANTI-SENSE:** NEIN

**(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:**

35

gttcagcatt gtttctgctt ctgaaatctg tatagtacac tggttttaa tcattatgtc 60  
 ttcattgaaa cccttgctac ttctttccct cctcaatgaa agacacgaga gacaagagcg 120

acacaagctt aagaaaaacg agcaaggaag agtatcttca ttattctcat tttctctgag 180  
 ttggaaacaa aaacatgaag gactccaact agaagacaga tatttacatt taaatagatt 240  
 agtggggaaaa cttaagagt ttccacatat tagtttcat ttttgagtc aagagactgc 300  
 tccttgact gggagacact agtagtatat gttttaatg ttactttaaa attatcttt 360  
 5 tattttataa gccccataaa tactggtaa actctgttaa aagtgggcct tctatcttgg 420  
 atggttcac tgccatcagc catgctgata tattagaaat ggcatccccta tctacttact 480  
 ttaatgtta aaattataca taaaatgctt tatttagaaa acctacatga tacagtggg 540  
 tcagccttgc catgtatcag tttcaacttga aatttgagac caattaaatt tcaactgttt 600  
 10 agggtggaga aagaggtact ggaaaacatg cagatgagga tatctttat gtgcaacagt 660  
 atccttgca tgggaggaga gttactcttga aaggcaggc agcttaagtg gacaatgttt 720  
 tgtatatagt tgagaatttt acgacacttt taaaattgt gtaattgtta aatgtccagt 780  
 tttgctctgt tttgcctgaa gtttttagat ttgtttctt ggtggacctc tgaaaaccaa 840  
 accagtagct ggggaggtt gatgtgttt tcaggcttgg agtgtatgag tggtttgct 900  
 tgtattttcc tccagagatt ttgaacttta ataattgcgt gtgtttttt ttttttttaa 960  
 15 gtggcttgc tttttttttca caagtaaaat tgtgaacata tttccttta aggggcaggg 1020  
 catgagttag ggagactgaa gagtattgtt gactgtacat gtgccttctt aatgtgtttc 1080  
 tcgacacatt tttttcagt aacttgaaaa ttcaaaaggc acatttgggtt aggttactgt 1140  
 acatcaatct atgcataaat ggcagcttgc tttcttgagc cactgtctaa atttgtttt 1200  
 tataaaaaatt ttttataactg attggttcat agatggtcag tttgtacac agactgaaca 1260  
 atacagcaact ttgccaaaaa ttagtgttagc attgtttaaa cattgtgtgt taacacctgt 1320  
 tctttgttaat tgggttgcgg tgcattttgc actacctgga gttacagttt tcaatctgtc 1380  
 agtaaataaa gtgtccttta acttcaaaaaa aaaaaaaaaaa

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 689 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

5  
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

10 aaacaaacaa aaaaaaagtt agtactgtat atgtaaatac tagctttca atgtgctata 60  
caaacaatta tagcacatcc ttccctttac tctgtctcac ctccctttagg tgagtagttc 120  
cttaaataag tgctaaacat acatatacgg aacttggaaag ctttggttag cttgcctta 180  
ggtaatcagc ctatgttaca ctgtttccag ggagtagttg aattactata aaccattagc 240  
caacttgttc tgcaccattt atcacaccag gacagggtct ctcaacctgg gcgctactgt 300  
catggggc caggtgatcc ttcccttgca gggctgtcct gtacctgccc gggcggccgc 360  
tcgaacgtg gtcgcggccg aggtactgaa aggaccaagg agctctggct gccctcagga 420  
attccaaatg accgaaggaa caaagcttca gggctctggg tggtgcttcc cactattcag 480  
gaggtggtcg gaggtAACgc agcttcattt cgtccagtcc ttccctgttat taaaagtgt 540  
tgtcaagatg ctgcattaaa tcaggcaggt ctacaaaggc atcccaagca tcaaacatgt 600  
ctgtgatgaa gtaatcaatg aaacacggga acctccgacc acctcctgaa tagtgggaga 660  
20 cacacccaga gcctgaagt tgtccttcg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

10

```
tcccagcggc atgaagtttg agattggcca ggccctgtac ctgggcttca ttccttcgt 60
ccctctcgct cattgggtgc accctgctt gcctgtcctg ccaggacgag gcaccctaca 120
agccctaacc caggccccgc ccagggccac cacgaccact gcaaacaccc cacctgccta 180
ccagccacca gctgcctaca aagacaatcg ggccccctca gtgacctcgg ccaccacagc 240
gggtacaggc tgaacgacta cgtgtgagtc cccacagcct gcttcctcccc tgggctgctg 300
tgggctggtt cccggcggga ctgtcaatgg aggcaagggt tccagcacaa agtttacttc 360
tgggcaattt ttgtatccaa ggaataatcg tgaatgcgag gaaatgtctt tagagcacag 420
ggacagaggg ggaataaga ggaggagaaa gctctctata ccaaagactg a
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 929 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

30 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

10

```

ggtaactca gtgcattggg ccaatggtc gacacaggct ctgccagcca caaccatcct 60
gctgcttctg acgggttggc tgctggggg cttccctc actgtcattg gaggcatctt 120
tggaaagaac aacgccagcc ccttgatgc accctgtcgc accaagaaca tcgcccggga 180
gattccaccc cagccctggt acaagtctac tgtcatccac atgactgtt gaggcttcct 240
gcctttcagt gccatctctg tggagctgta ctacatctt gccacagtat ggggtcggga 300
gcagtagact ttgtacggca tccttcttctt tgtcttcgccc atcctgctga gtgtggggc 360
ttgcatctcc attgactca cctacttcca gttgtctggg gaggattacc gctgggtgg 420
gcgatctgtg ctgagtgtt gctccaccgg cctcttcattt ttccttctact cagttttcta 480
ttatgcccgg cgctccaaca tgtctggggc agtacagaca gtagagtttct tcggctactc 540
20 cttactcaact ggttatgtt tcttcctcat gctgggcacc attcctttttt tttttttccct 600
aaagttcatc cggatatatct atgttaacctt caagatggac tgagttctgt atggcagaac 660
tattgctgtt ctctccctttt ctcatgccc tggtgaactc tcctaccagc ttctcttctg 720
attgactgaa ttgtgtgatg gcattgttgc cttccctttt tccctttggg cattccttcc 780
ccagagaggg cctggaaattt ataaatctctt atcacataag gattatatat ttgaactttt 840
25 taagttgcct tttagtttgg tcctgattttt tcttttaca attacaaaaaaa taaaattttt 900
taagaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1775 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

15

```

gaacgtgatg ggaactttgg gaggatgtct gagaaaaatgt ccgaagggat tttggccaac 60
accagaaaac gccaatgtcc taggaattcc ctccccaaat gcttcccaaa aaattactca 120
ttgacaattc aaattgcact tggctggcgg cagccccggc ggccttcagt ccgtgtgggg 180
cgccccgcgtg gccttctcct cgtaggactc cccaaactcg ttcactctgc gtttatccac 240
20 aggataaagc caccgcttgt acaggttagac cagaaacaccc acgtcgccc ggaagcaggc 300
cagccggtga gacgtggca tggtgatgat gaaggcaaag acgtcatcaa tgaagggttt 360
gaaagccttg taggtgaagg ccttccaggg cagatgtgcc actgacttca acttgttagtt 420
cacaagagc tggggcagca tgaagagggaa accaaaggca tagacccgt tgacgaagct 480
gttgatttaac caggagtacc agctttata tttgatattc aggagtgaat agacagcacc 540
25 cccgacacag agagggtaca gcaggttatga caagtacttc atggcctgag tatcgtactc 600
ctcggttttc ctctcagatt cgctgttaagt gccaaactga aattcggca tcaggcctct 660
ccaaaaaaata gtcatcttca atgccttctt cacttccac agctcaatgg cggctccaac 720
acccgccccg accagcacca gcaggctcg tctgcgtcc agcaggaaca gaaagatgac 780
30 cacggtgctg aagcagcgcc agagcactgc cttgggtggac atgcccgtca tgctttttt 840
cttcttccag aaactgtatgt cattttaaa ggccaggaaa tcaaagagaa gatggAACGC 900
tgcgacaaag aaggtcagcg ccaggaagta taagttggta tctacaaaaa ttcccttcac 960
ctcatcagca tctttctctg aaaacccgaa ctgctgcagg gagtacacgg cgtcctgcat 1020
gtggatccag aagcgcagcc gccccagtga gaccttgcg taggacacgg tgagggggcag 1080
35 ctcgggttgtg gagcgggtta tgaccatcag gtccttcacg cggttgctga gctggtcgtat 1140
gaacaggatg ggcaggtaat gcacggttt ccccagctgg atcatcttca tgtaccgatg 1200
cacatcgga ggcaggagg acccgtaaa gacaaagtgg tccgccccatca cgttcagcgc 1260
cagcccggt cgccagtggg acactggctc atccaggca ctcgtccgt ttttctccgc 1320
ctcgatctgc tgtgtatcag actccccggt gagcagggtg atttcttctg gcttggggac 1380
40 catgttaggtg gtcagaggac tgaccaggta cacctgcctc ccgtcggtcc acggcaggac 1440
cccagcgtga tggaggaaga tgtaggcata cagcgtccca ttgtttctcg ttttcttgg 1500
tacagaaaaca ttaactgtcc tttcaaattt ggactccaca tcaaagtctt ccacattcaa 1560
gaccaggctg atgttgtct cagcacccag gtgggaccc ctcgtgggtgt acacgctcag 1620
ctgcagcttg ggccggcccg ccaggttaggg ctggatgcag ttggcgtccg cggagcacgg 1680
45 gccccgttag acgatgcctg acatgaccca gcaggtgtgc accacgtaga ccacgaacac 1740
gccccaccacc aagctggtaa aggagctgcg gcccc

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5           (A) LÄNGE: 1546 Basenpaare  
         (B) TYP: Nukleinsäure  
         (C) STRANG: einzel  
         (D) TOPOLOGIE: linear

10          (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15          (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15          (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 20           (A) ORGANISMUS: MENSCH  
         (C) ORGAN: Endothelzelle

20          (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25          (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

30          aaaataagta ggaatggca gtgggtattc acattcacta cacctttcc atttgctaat 60  
aaggccctgc caggctgggaa gggattgtc cctgcctgct tctggagaaa gaagatattg 120  
acaccatcta cgggcaccat ggaactgctt caagtgacca ttcttttct tctgcccagt 180  
atttgcagca gtaacagcac aggtgttttta gaggcagcta ataattcact tggtgttact 240  
acaacaaaac catctataac aacaccaaac acagaatcat tacagaaaaa tggtgtcaca 300  
ccaacaactg gaacaactcc taaaggaaca atcaccaatg aattacttaa aatgtctcg 360  
atgtcaacag ctactttttt aacaagtaaa gatgaaggat tgaaagccac aaccactgtat 420  
35          gtcaggaaga atgactccat catttcaaac gtaacagtaa caagtgttac acttccaaat 480  
gctgttcaa cattacaaag ttccaaaccc aagactgaaa ctcagagttc aattaaaaaca 540

acagaaaatac caggtatgt tctacaacca gatgcatcac cttctaaaac tggtacatta 600  
 acctcaatac cagttaaat tccagaaaac acctcacagt ctcaagtaat aggcaactgag 660  
 ggtggaaaaa atgcaagcac ttcaagcaacc agccggctt attccagttat tattttgccg 720  
 5 gtggttattt ctttgatttt aataaacactt tcagtttttgc ttctggggg ttgttaccga 780  
 atgtgctgga aggcatatcc gggcacacca gaaaatggaa atgatcaacc tcagtcgtat 840  
 aaagagagcg tgaagcttct taccgttaag acaatttctc atgagtctgg tgacactct 900  
 gcacaaggaa aaaccaagaa ctgacagctt gaggaattct ctccacacctt aggcaataat 960  
 tacgcttaat cttcagcttc tatgcaccaa gcgtggaaaa ggagaaaagtc ctgcagaatc 1020  
 aatccccact tccatacctg ctgtggact gtaccagacg tctgtcccag taaagtgtat 1080  
 10 tccagctgac atgcaataat ttgatggaaat caaaaagaac cccggggctc tcctgttctc 1140  
 tcacatttaa aaattccattt actccattta caggagcggtt ccttagaaaa gaaatttttag 1200  
 gaggagaatt tgtgagcagt gaatctgaca gcccaggagg tgggctcgct gataggcatg 1260  
 actttccctta atgtttaaat tttccgggc caagaatttt tatccatgaa gactttcccta 1320  
 ctttctcggtt tgttttata ttacctactg tttagtattta ttgtttacca ctatgttaat 1380  
 15 gcagggaaaaa gttgcacgtt tattttaaa tatttaggtt aaatcataacc atgctacttt 1440  
 gtacatataa gtattttattt cctgcttcg tgttactttt aataaataac tactgtactc 1500  
 aatactctaa aaatactata acatgactgt gaaaatggca aaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5

cacttgggca cccccatttt ctaaaaaaaat ggaaatctgg agggcaaaaa aggtgtgctg 60  
 aagggaagtg cctctgatgg cccaaaaacc ttcttccaaa ctatgttagg aatggaatgg 120  
 atagcaaatg gatcctttt ggcttcctt ggagcatgcc ttcccttatct tattccttggc 180  
 cccactaaag cagaacgtta cgatatttc tggttttgcc attggatgcc tatctggcca 240  
 10 aacagcctt ccctaattgg aaaatgcagt cctgtttaaa acctttgatt tacgactact 300  
 tgtacatgct tgctcattac aattttgaca ttttttacat agtgaagacc ccaaacatat 360  
 cagtgaaaca tgacaagatc ataaagaaca gtatcatatt attatttagt cgcttttaca 420  
 gtggcaagcc aattttgaaa tatctcattt aaaactcaga cccaaattcac tgagttatac 480  
 15 ttttaatagc ttcctcagca cactatttcc catgatttaa atatgataaa ataatctatc 540  
 actgcccattc ggtcttgtaa aaaggaagtc tgaatacaga gcccacaaca ctaaaattgt 600  
 ttttctagct acaaagtata gcatcatcaa cacagacacg atttggactc cctgacaggt 660  
 ggattggaaa acggtgttta aagagaagag aacattttaa cataaaatgtc attaagaatc 720  
 ccaaaggcct tatttgcac caccgtcccg

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1620 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

30 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

10	gcaattcccc cctcccacta aacgactccc agtaattatg tttacaaccc attggatgca 60 gtgcagccat tcataagaac cttggtgccc cagaaaaatc tgcctttt ggtaccaaac 120 ctgagggtctt ttggaaagata attagaaaa ccactaccta ttgaaggcct gttttggcta 180 atctgtgcaa actctgtatga tacctgcctt atgtgattc tttccacac tgctttcatt 240 ttaagtata aagactttaga aaactagaat aatgctttt caaataatta aaagtatgtg 300 atgttctggg tttttccctt cttttagaa ccccgccctc atttaaaaaaa ttaaaaaaaaa 360 aaaaaaaaact tttaacattt aaaaaataaa aattaacaaa atttcactta ttccaggaca 420 cgctggcatt tggactcaat gaaaaggca cctaaagaaa ataaggctga ctgaatgtt 480 tccataatii tcacacaata acagtcctt tctatccagc ttgcctcca ttatcttta 540 gggttagctt ttcaaggcaac atccttggtc attgcccaga aagtacctga gctatcagtg 600 attggaatgg cacagggaaac cgaatcacat gggtgcctc cccttggtt tcaagtatct 660 tggagttgtg cacaaaaaatt aggtcatgcc ttcagttgtct tggttcttta acctaccctt 720 tgacaatcag gtgctaataatg ttgtataacta ttaaaaaccag cacataagta ttgtaaaatgt 780 gtgttcctcc taggttggaa gaaatgtctt tccttctatc tgggtcctgt taaagcgggt 840 gtcagttgtg tcttttacc tcgatttgtg aattaataga attgggggga gaggaaatga 900 tgatgtcaat taagtttcaag gtttggcatg atcatcattc tcgatgatat tctcaacttg 960 tcgcaaatct gcccttatcg taagaacaag tttcagaatt ttccctccac tatacgactc 1020 cagtattatg ttacaatcc attggatgag tgcagcatta taagaccttg gtgcccagaa 1080 aaatctgtcc tttttggtaac caaacctgag gtctttggaa agataatgtt gaaaaccact 1140 acctattgaa ggctgtttt ggctaatctg tgcaaactct gatgataacct gcttatgtgg 1200 attctttcc acactgtttt catttttaag tataaaagact tagaaaacta gaataatgtt 1260 30 tttacaataa ataaaaatgtt tttttttttt cttctttt agaaccctgt 1320 atttaaacaa gccttctttt taagtcttgc ttgaaattta agtctcagat cttctggata 1380 ccaaatcaaa aacccaaacgc gtaaaaacagg gcagttttt tgttccataat ttaaaaaagc 1440 tttatgtata ctctataat atagatgcat aaacaacact tccccttgag tagcacatca 1500 acatacagca ttgtacatca caatgaaaat gtgtactta agggtattat atatataat 1560 acatataatac ctttgtaacc tttatactgt aaataaaaaaa gttgcttttag tcaaaaaaaaaa 1620
----	---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

#### 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2968 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

20	gaaaaagtag aaggaaacac agttcatata gaagtaaaag aaaaccctga agaggaggag 60 gaggaggaag aagaggaaga agaagatgaa gaaagtgaag aggaggagga agaggaggg 120 gaaagtgaag gcagtgaagg ttagtggagaa gatgaaaagg tgcagatga gaaggattca 180 ggaaagacat tagataaaaa gccaagtaaa gaaatgagct cagattctga atatgactct 240 gatgtatgtc ggactaaaga agaaagggt tatgacaaag caaaacggag gattgagaaa 300 cgccgacttg aacatagtaa aaatgtaaac accggaaagc taagagcccc tattatctgc 360 gtacttgggc atgtggcacac agggaaagaca aaaattctag ataagctccg tcacacacat 420 gtacaagatg gtgaagcagg tggtatcaca caacaaattt gggccaccaa tgccctctt 480 gaagcttata atgaacagac taagatgatt aaaaattttt atagagagaa tgtacggatt 540 ccaggaatgc taattattga tactcctggg catgaatctt tcagtaatct gagaatataga 600 30 ggaagctctc tttgtgacat tgccattttt gtttgtgata ttatgcattt tttggagccc 660 cagacaattt agtctatcaa cttctcaaa tctaaaaat gtcccttcattt tggtgcactc 720 aataagattt ataggttata tgattggaaa aagagtctg actctgtatgt ggctgtact 780 ttaaagaagc agaaaaagaa tacaaaagat gaatttgagg agcgagcaaa ggctattatt 840 gtagaattt cacagcaggg ttgtatgct gctttttt atgagaataa agatccccgc 900 35 acttttgtt ctgggttacc tacctctgca catactgggt atggcatggg aagtctgatc 960 taccttcttg tagagttaac tcagaccatg ttgagcaaga gacttgcaca ctgtgaagag 1020 ctgagagcac aggtgatgga gttaaagct ctcccccgggta tggcaccac tatagatgtc 1080 atcttgcattt atgggcgtttt gaaggaagga gatacaatca ttgttctgg agtagaaggg 1140 cccatgttaa ctcagatcg aggcttcctg ttaccttcctc ctatgaagga attacgagtg 1200 40 aagaaccagt atgaaaaagca taaagaagta gaagcagctc agggggtaaa gattcttgg 1260 aaagacctgg agaaaaacatt ggctggttt ccccttcattt tggcttataa agaagatgaa 1320 atccctgttc taaaagatga attgatccat gagtaaagc agacactaaa tgctatcaaa 1380 ttagaagaaa aaggagtctt tgccaggca tctacactgg gttctttggaa agctctactg 1440
----	---

gaatttctga aaacatcaga agtgcctat gcaggaatta acattggccc agtgcataaa 1500  
 aaagatgtta tgaaggcttc agtgatgttga aacatgacc ctcagatgc agtaattttg 1560  
 gccttcgatg tgagaatttga acgagatgca caagaaatgg ctgatagttt aggagttaga 1620  
 attttagtg cagaaattt ttatcattt tttgatgcct ttacaaaata tagacaagac 1680  
 5 tacaagaaac agaaaacaaga agaatttaag cacatagcag tattccctg caagataaaa 1740  
 atcctccctc agtacattt taattctcgat gatccgatag tgatgggggt gacggtgaa 1800  
 gcaggtcagg tgaaacaggg gacacccatg tgtgtcccaa gcaaaaattt tggtgacatc 1860  
 ggaatagtaa caagtattga aataaaccat aaacaagtgg atgttcaaa aaaaggacaa 1920  
 gaagtttgtg taaaaataga acctatccct ggtgagtcac ccaaaatgtt tggaaagacat 1980  
 10 tttgaagcta cagatattct ttttagtaag atcagccggc agtccattga tgcaactcaaa 2040  
 gactggttca gagatgaaat gcagaagagt gactggcagc ttattgtgga gctgaagaaa 2100  
 gtatttgaaa tcatctaatt tttcacatg gagcaggaac tggagtaat gcaatactgt 2160  
 gttgtaatat cccaaacaaaa atcagacaaa aaatggaaca gacgtattt gacactgtat 2220  
 15 gacttaagta tggaaaggaag aaaaataggt gtataaaatg tttccatga gaaaccaaga 2280  
 aacttacact gtttgacag tggtcagtt catgtccccat cagttccaaat gtgcctgttc 2340  
 actcacctct cccttccccat acccttctct acttggctgc tggttttaaag tttgcccttc 2400  
 cccaaatttgc gatttttattt acagatctaa agctttcg attttataact gattaaatca 2460  
 gtactgcagt atttgattaa aaaaaaaaaaa gcagattttg tgatttttgg gactttttg 2520  
 acgtaagaaa tacttctta tttatgcata ttcttccacat gatgattttt ccagcattct 2580  
 tctgccatat gcctttaggg ctttataaa atagaaaattt aggcatctg atatttcttt 2640  
 agctgttttgc tggaaacca tggtaaaaa gcacagctgg ctgctttta ctgcttggt 2700  
 agtcacgagt ccattgtat catcacaattt ctaaacaaaa ctaccaataa agaaaacaga 2760  
 catccaccag taagcaagct ctgttaggct tccatggta gtggtagctt ctctccacata 2820  
 25 agttgtcctc cttaggacaag gaatttatctt aacaaactaa actatccatc acactacat 2880  
 ggtatgccag cacctggta acagtagggat attttataca ttaatctgat ctgtttaaatc 2940  
 tgatcggtt agtagagatt ttatacat

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 6011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

```

15      ACGGGGCGCC GGACGACCCG CACATCTTAT CCTCCACGCC CCACTCGCAC TCGGAGCGGG 60
       ACCGCCCCGG ACTCCCCCTC GGGCCGGCCA CTCGAGGAGT GAGGAGAGAG GCCGCCGGCC 120
       CGGCTT3AGC CGAGCGCAGC ACCCCCCGCG CCCCGCGCCA GAAGTTGGT TGAACCGGGC 180
       TGCCGGGAGA AACTTTTTTC TTTTTTCCCC CTCTCCCAGG AGAGTCTCTG GAGGAGGAGG 240
       GGAACCTCCCC CGGGCCAAGG CTCGTGGGCT CGGGGTGCGC CGGCCGCAGA AGGGCGGGG 300
       TCCGCCCGCG AGGGGAGGCG CCCCCGGGGA CCCGAGAGGG GGGTGAGGAC CGCGGGCTGC 360
       TGGTGCGGCG GCGGCAGCGT GTGCCCCGCG CAGGGGAGGC GCCGCCCGC TCCCAGGCCC 420
       GCTGCGAGGA GGAGGGCGGCG GCGGCAGCGG AGGATGTACT TGGTGGCGGG GGACAGGGGG 480
       TTGGCCGGCT GCGGGCACCT CCTGGTCTCG CTGCTGGGCT TGCTGCTGCT GCCGGCCGCG 540
       TCCGGCACCC GGGCGCTGGT CTGCCTGCC TGTGACGAGT CCAAGTGCAGA GGAGGCCAGG 600
       AACCGCCCGG GGAGCATCGT GCAGGGCGTC TGCGGCTGCT GCTACACGTG CGCCAGCCAG 660
       GGGAACGAGA GCTGCGGCAGG CACCTTCAGG ATTTACGGAA CCTGCGACCG GGGGCTGCGT 720
       25      TGTGTCATCC GCCCCCGCT CAATGGCGAC TCCCTCACCG AGTACGAAGC GGGCGTTG 780
       GAAGATGAGA ACTGGACTGA TGACCAACTG CTTGGTTTA AACCATGCAA TGAAAACCTT 840
       ATTGCTGGCT GCAATATAAT CAATGGGAAA TGTGAATGTA ACACCATTG AACCTGCAGC 900
       AATCCCTTTG AGTTTCCAAG TCAGGATATG TGCCCTTCAG CTTTAAAGAG AATTGAAGAA 960
       GAGAACCGAG ATTGCTCCAA GGCCCGCTGT GAAGTCCAGT TCTCTCCACG TTGTCCTGAA 1020
       GATTCTGTTG TGATCGAGGG TTATGCTCCT CCTGGGGAGT GCTGTCCTT ACCCAGCCGC 1080
       TGCGTGTGCA ACCCCGCGAGG CTGTCTGCCA AAAGTCTGCC AGCCGGGAAA CCTGAACATA 1140
       CTAGTGTCAA AAGCCTCAGG GAAGCCGGGA GAGTGTGTG ACCTCTATGA GTGAAACCCA 1200
       GTTTCCGGCG TGGACTGCAG GACTGTGGAA TGCCCTACTG TTCAGCAGAC CGCGTGTCCC 1260
       CCGGACAGCT ATGAAACTCA AGTCAGACTA ACTGCAGATG GTTGCTGTAC TTTGCCAAC 1320
       35      AGATGCGAGT GTCTCTCTGG CTTATGTGGT TTCCCCGTGT GTGAGGTGGG ATCCACTCCC 1380
       CGCATAGTCT CTCGTGGCGA TGGGACACCT GGAAAGTGT GTGATGTCTT TGAATGTGTT 1440
       AATGATACAA AGCCAGCCTG CGTATTTAAC AATGTGGAAT ATTATGATGG AGACATGTTT 1500
       CGAATGGACA ACTGTCGGTT CTGTCGATGC CAAGGGGGCG TTGCCATCTG CTTCACGCC 1560
       CAGTGTGGTG AGATAAACTG CGAGAGGTAC TACGTGCCG AAGGAGAGTG CTGCCAGTG 1620
       40      TGTGAAGATC CAGTGTATCC TTTAATAAT CCCGCTGGCT GCTATGCCA TGGCCTGATC 1680
       CTTGCCACG GAGACCGGTG GCGGGAAAGAC GACTGCACAT TCTGCCAGTG CGTCAACGGT 1740
       GAACGCCACT GCGTTGCGAC CGTCTGCCA CAGACCTGCA CAAACCCGT GAAAGTGCCT 1800
       GGGGAGTGTG GCCCTGTGTG CGAAGAACCA ACCATCATCA CAGTTGATCC ACCTGCATGT 1860
       GGGGAGTTAT CAAACTGCAC TCTGACACGG AAGGACTGCA TTAATGGTTT CAAACGCGAT 1920
       45      CACAATGGTT GTCGGACCTG TCAGTGCATA AACACCCAGG AACTATGTT AGAACGTAAA 1980
       CAAGGCTGCA CCTTGAACTG TCCCTTCGGT TTCCCTTACTG ATGCCAAAA CTGTGAGATC 2040
       TGTGAGTGCC GCCCAAGGCC CAAGAAGTGC AGACCATAA TCTGTGACAA GTATTGTCCA 2100
       CTTGGATTGC TGAAGAATAA GCACGGCTGT GACATCTGTC GCTGTAAGAA ATGTCCAGAG 2160
       CTCTCATGCA GTAAGATCTG CCCCTTGGGT TTCCAGCAGG ACAGTCACGG CTGTCTTATC 2220
       50      TGCAAGTGCA GAGAGGCCTC TGCTTCAGCT GGGCCACCA TCCTGTGGG CACTTGTCTC 2280

```

	ACCGTGGATG	GTCATCATCA	TAAAAATGAG	GAGAGCTGGC	ACGATGGGTG	CCGGGAATGC	2340
	TACTGTCTCA	ATGGACGGGA	AATGTGTGCC	CTGATCACCT	GCCCCGTGCC	TGCCTGTGGC	2400
	AACCCCACCA	TTCACCCCTGG	ACAGTGCCTGC	CCATCATGTG	CAGATGACTT	TGTGGTGCAG	2460
	AAGCCAGAGC	TCAGTACTCC	CTCCATTGTC	CACGCCCTG	GAGGAGAATA	CTTTGTGGAA	2520
5	GGAGAAACGT	GGAACATTGA	CTCCTGTACT	CAGTGCACCT	GCCACAGCGG	ACGGGTGCTG	2580
	TGTGAGACAG	AGGTGTGCC	ACCGCTGCTC	TGCCAGAAC	CCTCACGCAC	CCAGGATTCC	2640
	TGCTGCCAC	AGTGTACAGA	TCAACCTTT	CGGCCTTCCT	TGTCCCGCAA	TAACAGCGTA	2700
	CCTAATTACT	GCAAAAATGA	TGAAGGGGAT	ATATTCTGG	CAGCTGAGTC	CTGGAAGCCT	2760
	GACGTTGTA	CCAGCTGCAT	CTGCATTGAT	AGCGTAATT	GCTGTTCTC	TGAGTCCTGC	2820
10	CCTCTGTAT	CCTGTGAAAG	ACCTGTCTG	AGAAAAGGCC	AGTGTGTC	CTACTGCATA	2880
	AAAGACACAA	TTCCAAAGAA	GGTGGTGTGC	CACTTCAGTG	GGAAGGCCTA	TGCCGACGAG	2940
	GAGCGGTGGG	ACCTTGACAG	CTGCACCCAC	TGCTACTGCC	TGCAGGGCCA	GACCCTCTGC	3000
	TCGACCGTCA	GCTGCCCCCC	TCTGCCCTGT	GTTGAGGCCA	TCAACGTGGA	AGGAAGTTGC	3060
	TGCCCAATGT	GTCCAGAAAT	GTATGTCCA	GAACCAACCA	ATATAACCCAT	TGAGAAGACA	3120
15	AACCATCGAG	GAGAGGTTGA	CCTGGAGGT	CCCCTGTGCC	CCACGCCCTAG	TGAAAATGAT	3180
	ATCGTCCATC	TCCCTAGAGA	TATGGGTAC	CTCCAGGTAG	ATTACAGAGA	TAACAGGCTG	3240
	CACCCAAGTG	AAGATTCTTC	ACTGGACTCC	ATTGCCTCAG	TTGTGGTTCC	CATAATTATA	3300
	TGCCTCTCTA	TTATAATAGC	ATT CCTATT	ATCAATCAGA	AGAAACAGTG	GATACCACTG	3360
	CTTTGCTGGT	ATCGAACACC	AACTAAGCCT	TCTCCTTAA	ATAATCAGCT	AGTATCTGTG	3420
	GAETGCAAGA	AAGGAACCAG	AGTCCAGGTG	GACAGTTCCC	AGAGAATGCT	AAGAATTGCA	3480
	GAACCCAGATG	CAAGATTCA	TGGCTTCTAC	AGCATGCAAA	AACAGAACCA	TCTACAGGCA	3540
	GACAATTCT	ACCAAACAGT	GTGAAGAAAG	GCAACTAGGA	TGAGGTTCA	AAAGACGGAA	3600
	GACGACTAAA	TCTGCTCTAA	AAAGTAAACT	AGAATTGTTG	CACTGCTTA	GTGGATTGTA	3660
	TTGGATTGTG	ACTTGATGTA	CAGCGCTAAG	ACCTTACTGG	GATGGGCTCT	GTCTACAGCA	3720
25	ATGTGCAGAA	CAAGCATTCC	CACTTTCT	CAAGATAACT	GACCAAGTGT	TTTCTTAGAA	3780
	CCAAAGTTTT	TAAAGTTGCT	AAGATATATT	TGCCTGTAAG	ATAGCTGTAG	AGATATTG	3840
	GGTGGGGACA	GTGAGTTGG	ATGGGGAAAG	GGGTGGGAGG	GTGGTGGTGG	GAAGAAAAT	3900
	TGGTCAGCTT	GGCTCGGGGA	GAAACCTGGT	AACATAAAAG	CAGTCAGTG	GCCCAGAGGT	3960
	TATTTTTTC	CTATTGCTCT	GAAGACTGCA	CTGGTTGCTG	CAAAGCTCAG	GCCTGAATGA	4020
30	GCAGGAAACA	AAAAAGGCCT	TGCGACCCAG	CTGCCATAAC	CACCTTAGAA	CTACCAAGACG	4080
	AGCACATCAG	AACCCTTGA	CAGCCATCCC	AGGTCTAAAG	CCACAAGTT	CTTTCTATA	4140
	CAGTCACAAC	TGCAGTAGGC	AGTGAGGAAG	CCAGAGAAAT	GCGATAGCGG	CATTTCTCTA	4200
	AAGCAGGTTA	TTAAGGATAT	ATACAGTTAC	ACTTTTGCT	GCTTTTATT	TCTTCCAAGC	4260
	CAATCAATCA	GCCAGTTCC	AGCAGAGTC	GCACATGAAC	AAGATCTAAG	TCATTTCTTG	4320
35	ATGTGAGCAC	TGGAGCTTT	TTTTTTACA	ACGTGACAGG	AAGAGGAGGG	AGAGGGTGAC	4380
	GAACACCAGG	CATTTCCAGG	GGCTATATT	CACTGTTGT	TGTTGCTTTG	TTCTGTTATA	4440
	TTGTTGGTTG	TTCATAGTT	TTGTTGAAGC	TCTAGCTTAA	GAAGAAAATT	TTTTAAAAAA	4500
	GAETGTTGG	GGATTCTTT	TCCTTATTAT	ATACTGATT	TACAAAATAG	AAACTACTTC	4560
	ATTTAATTG	TATATTATTC	AAGCACCTT	GTTGAAGCTC	AAAAAAAATG	ATGCCTCTT	4620
	AAACTTTAGC	AATTATAGGA	GTATTTATGT	AACTATCTTA	TGCTTCAAAA	AACAAAAGTA	4680
	TTTGTGTGCA	TGTGTATATA	ATATATATAT	ATACATATAT	ATTTATACAC	ATACAATTAA	4740
	TGTTTTCTG	TTGAATGTAT	TTTATGAGA	TTTAACCAG	AACAAAGGC	GATAAACAGG	4800
	CATTCCATAG	CAGTGCTTT	GATCACTTAC	AAATTTTTG	AATAACACAA	AATCTCATTC	4860
	TACCTGCAGT	TTAATTGGAA	AGATGTGTG	GTGAGAGTAT	GTATGTGTG	GTGTGTGTG	4920
45	GTGTGTGCGC	GCGCACGCAC	GCCTTGAGCA	GTCAGCATTG	CACCTGCTAT	GGAGAAGGGT	4980
	ATTCCCTTAT	AAAAATCTTC	CTCATTGGA	TTTGCTTCA	GTTGGTTTT	AATTGCTCA	5040
	CTGGCCAGAG	ACATTGATGG	CAGTTCTTAT	CTGCATCACT	AATCAGCTCC	TGGATTTTT	5100
	TTTTTTTTT	TCAAACAAATG	GTTCGAAACA	ACTACTGGAA	TATTGTCCAC	AATAAGCTGG	5160
	AAGTTGTTG	TAGTATGCCT	CAAATATAAC	TGACTGTATA	CTATAGTGGT	AACTTTCAA	5220
50	ACAGCCCTTA	GCACCTTAT	ACTAATTAAC	CCATTGTC	ATTGAGTTT	CTTTAAAAAA	5280
	TGCTTGTGTT	GAAAGACACA	GATAACCACT	ATGCTTAACG	TGAAAAGAAA	ATGTGTCTG	5340
	TTTTGTAAG	GAACCTTCAA	GTATTGTTGT	AAATACTTGG	ACAGAGGTTG	CTGAACCTTA	5400
	AAAAAAATTA	ATTTATTATT	ATAATGACCT	AATTATTAA	TCTGAAGATT	AACCATTTT	5460
	TTGTCTTACA	ATATCAAAAA	AAAAAAAGAA	AAGGTGTTCT	AGCTGTTGC	ATCAAGGAA	5520
55	AAAAAGATT	ATTATCAAGG	GGCAATATT	TTATCTTT	CAAAATAAAAT	TTGTTAATGA	5580
	TACATTACAA	AAATAGATTG	ACATCAGCCT	GATTAGTATA	AATTTGTTG	GTATTAATC	5640
	CATTCTGGC	ATAAAAAGTC	TTTATCAAAA	AAAATTGTA	ATGCTTGCTT	TTTGTGTTTT	5700
	CAATCATGGC	CATATTATGA	AAATACTAAC	AGGATATAGG	ACAGGGTGTA	AATTTTTTTA	5760

TTATTATTTT AAAGATATGA TTTATCCTGA GTGCTGTATC TATTACTCTT TTACTTTGGT 5820  
 TCCTGTTGTG CTCTTGTAAA AGAAAAAATAT AATTCCTGA AGAATAAAAT AGATATATGG 5880  
 CACTGGAGT GCATCATAGT TCTACAGTTT GTTTTGTTT TCTTCAAAAA AGCTGTAAGA 5940  
 GAATTATCTG CAACTTGATT CTTGGCAGGA AATAAACATT TTGAGTTGAA ATCAAAAAAA 6000  
 5 AAAAAAAAAA A

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34a:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1036 Aminosäuren
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34a:

Von Seq. ID No. 34 abgeleitete Protein-Sequenz, Start: 454bp, Stop: 3559bp

25 MYLVAGDRGL AGCGHLLVSL LGLLLLPARS GTRALVCLPC DESKCEEPRN RPGSIVQGVC 60  
 GCCYTCASQG NESCGGTFGI YGTCDRGLRC VIRPPLNGDS LTEYEAGVCE DENWTDDQLL 120  
 GFKPCNENLI AGCNIINGKC ECNTIRTCSN PFEFPSQDMC LSALKRIEEE KPDCSKARCE 180  
 VQFSPRCPED SVLIEGYAPP GECCPLPSRC VCNPAGCLRK VCQPGNLNIL VSKASGKPGE 240  
 CCDLYECKPV FGVDCRTVEC PTVQQTACPP DSYETQVRLT ADGCCTL PTR CECLSGLCGF 300  
 PVCEVGSTPR IVSRGDGTPG KCCDVFECVN DTKPACVFNN VEYYDGDMFR MDNCRFCRCQ 360  
 GGVAICFTAQ CGEINCERYY VPEGECCPVC EDPVYPFNNP AGCYANGLIL AHGDRWREDD 420  
 CTFCQCVNGE RHCVATVCQG TCTNPVKVPG ECCPVCEEPT IITVDP PACG ELSNCTLTRK 480  
 DCINGFKRDH NGCRTQCIN TQEELCERKQ GCTLNCPFGF LTDAQNCEIC ECRPRPKKR 540  
 PIICDKYCPL GLLKNKHGCD ICRCKKCPEL SCSKICPLGF QQDSHGCLIC KCREASASAG 600  
 35 PPILSGTCLT VDGHHHKNEE SWHDGCRCY CLNGREMCAL ITCPVPACGN PTIHPGQCCP 660  
 SCADDVVVQK PELSTPSICH APGGEYFVEG ETWNIDSCTQ CTCHSGRVLC ETEVCPPLLC 720  
 QNPSRTQDSC CPQCTDQPFR PSLSRNNNSVP NYCKNDEGDI FLAAESWKPD VCTSCICIDS 780  
 VISCFSESCP SVSCERPVLR KGQCCPYCIK DTIPKKVVCH FSGKAYADEE RWDLDSCTHC 840  
 YCLQGQTLCS TVSCPPLPCV EPINVEGS CC PMCPEMYVPE PTNIPIEKTN HRGEVDLEVP 900  
 40 LWPTPSENDI VHLPRDMGHL QVDYRDNRLH PSEDSSLDSI ASVVVPIIIC LSIIIAFLFI 960  
 NQKKQWIPLL CWYRTPTKPS SLNNQLVSVD CKKGTRVQVD SSQRMLRIAEPDARFSGFYS 1020  
 MQKQNHLQAD NFYQTV

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5                   (A) LÄNGE: 716 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10                  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

15                  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20                  (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15                  (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

20                  (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25                  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

gcagtacctg	gagtgtcctg	cagggggaaa	gcgaaccggg	ccctgaagtc	cggggcagtc	60
acccggggct	cctgggcccgc	tctgccgggc	tggggctgag	cagcgatcct	gctttgtccc	120
agaagtccag	agggatcagc	cccagaacac	accctcctcc	ccgggacgcc	gcagcttct	180
ggagggctgag	gaaggcatga	agagtgggct	ccacctgctg	gccgactgag	aaaagaatit	240
ccagaactcg	gtccttattt	acagatttag	aaactatggt	tcaagaagag	aggacggggc	300
ttgagggaaat	ctcctgattc	tccttatatg	acctcaaact	gaccatacta	aacagtgtag	360
aaggctttt	taaggctcta	aatgtcaggg	tctcccatcc	cctgatgcct	gacttgtaca	420
gtcagtgtgg	agtagacggt	ttcctccacc	cagggttgac	tcagggggat	gatctgggtc	480
35                 ccattctggt	cttaagaccc	caaacaaggg	tttttcagc	tccaggatct	ggagcctcta	540
tctggtagt	gtcgtaacct	ctgtgtgcct	cccggttaccc	catctgtcca	gtgagctcag	600

ccccatcca cctaacaggg tggccacagg gattactgag ggtaaagacc ttagaactgg 660  
 gtctagcacc cgataagagc tcaataaaatg ttgttccttt ccacatcaa aaaaaaa

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 395 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

30  
 ccaatacttc atttttcatt ggtggagaag attttagact tctaagcatt ttccaaataa 60  
 aaaagctatg atttgatttc caacttttaa acattgcatt tccttgcca tttactacat 120  
 tctccaaaaa aaccttgaaa tgaagaaggc cacccttaaa atacttcaga ggctgaaaat 180  
 atgattatta cattggaatc cttagccta tgtgatattt cttaacttt gcactttcac 240  
 35 gcccagtaaa accaaagtca gggtaaccaa tgtcatttt caaatgtta aaaccctaat 300  
 tgcagttcct ttttaaatt attttaaaga ttacttaaca acattagaca gtgcaaaaaa 360

agaagcaagg aaagcatctt taattctacc atcct

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 134 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

30 ccctcgagcg gccgccccggg caggtacttt taccaccgaa ttgttcactt gactttaaga 60  
aacccataaaa gctgcctggc tttcagcaac aggcctatca acaccatggt gagtctccat 120  
aaggcacacc gtgt

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 644 Basenpaare
- 5 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

25

aagcctgttg tcatggggga ggtggtggcg cttggtgcc actggcgcc gaggttagagg 60  
cagtggcgct tgagttggtc gggggcagcg gcagatttga ggcttaagca acttcttccg 120  
ggaaagagtg ccagtgcagc cactgttaca attcaagatc ttgatctata tccatagatt 180  
ggaatattgg tgggccagca atcctcagac gcctcactta ggacaaatga gaaaacttag 240  
gcttggtgaa gttacgaaac ttgtccaaaa tcacacaact tgtaaaggc acagccaaga 300  
ttcagagcca ggctgtaaaa attaaaatga acaaattacg gcaaagttt aggagaaaaga 360  
aggatgtta tggccagag gccagtcgtc cacatcagtg gcagacagat gaagaaggcg 420  
ttcgcacccgg aaaatgttagc ttcccggta agtaccttgg ccatgtagaa gttgatgaat 480  
30 caagaggaat gcacatctgt gaagatgctg taaaaagatt gaaagctgaa aggaagttct 540  
tcaaaggctt ctttggaaaa actggaaaga aagcagttaa agcagtttct gtgggtctaa 600  
gcagatggac tcagaggtag tggatgaaaa actaaggacc tcat

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 657 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

	ctttttgttt	gggttttcca	atgttagatgt	ctcagtgaaa	tgtgcagata	tactttgttc	60
30	cttatatatgtt	caccagtgtt	aattatggac	aaatacatta	aaacaagggt	tcctggccca	120
	gcctcccatc	taatctcttt	gatactcttg	gaatctaagt	ctgaggagcg	atttctgaat	180
	tagccagtgt	tgtaccaact	ttctgtttagg	aattgttatta	gaataacctt	tctttttcag	240
	acctgctcag	tgagacatct	tggggaatga	agtaggaaaa	tagacatttg	gtggaaaaac	300
	agcaaaatga	gaacataaaa	aagactcatt	caagtagag	tataaaggc	atggaaattc	360
35	tggtcctttg	agcaaaatga	gaagaaaaaa	ttctgctcag	cagtattcac	tgtgttaaga	420
	ttttttgttt	tttacacgaa	tggaaaaatg	atgtgttaagt	ggtatagatt	ttaatcagct	480

aacagtcact ccagagat~~t~~ tgatcagcac caattcctat agtagtaagt atttaaaagt 540  
 taagaaatac tactacattt aacattataa agtagagttc tggacataac tgaaaattag 600  
 atgttgctt caatagaaat ttgttcccac ttgttat~~t~~ aacaaaatta tcggaac

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1328 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

15 hergestellte partielle cDNAs

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

30

acaattttaa aataactagc aattaatcac agcatatcag gaaaaagtac acagttagtt 60  
 ctggtagtt ttttagct cattatggtt agggtcgta agatgtatat aagaacctac 120  
 ctatcatgct gtatgtatca ctcattccat tttcatgttc catgcatact cgggcattcat 180  
 gctaataatgt atccttttaa gcactctcaa ggaaacaaaa gggcccttta ttttataaa 240  
 ggtaaaaaaaa attccccaaa tattttgcac tgaatgtacc aaaggtaag ggacattaca 300

atatgactaa cagcaactcc atcacttgag aagtataata gaaaatagct tctaaatcaa 360  
 acttccttca cagtgcgtg tctaccacta caaggactgt gcatctaagt aataatttt 420  
 taagattcac tatatgtgat agtatgatat gcatttattt aaaatgcatt agactctt 480  
 5 ccatccatca aatactttac aggatggcat ttaatacaga tatttcgtat ttccccact 540  
 gcttttatt tgtacagcat cattaaacac taagctcagt taaggagcca tcagcaacac 600  
 tgaagagatc agtagtaaga attccatttt ccctcatcag tgaagacacc acaaattgaa 660  
 actcagaact atatttctaa gcctgcattt tcactgatgc ataattttct tagtaatatt 720  
 aagagacagt ttttctatgg catctccaaa actgcattgac atcactagtc ttacttctgc 780  
 10 ttaattttat gagaaggat tcttcatttt aattgctttt gggattactc cacatcttg 840  
 tttatttcit gactaatcag atttcaata gagtgaagtt aaattgggg tcataaaagc 900  
 attggattga catatggttt gccagcctat gggtttacag gcattgccc aacatttctt 960  
 tgagatctat atttataagc agccatggaa ttccttattt gggatgttgg caatcttaca 1020  
 ttttata>tagag gtcatatgca tagtttcat aggtgtttt taagaactga ttgctctcct 1080  
 gtgagttaaag ctatgttac tactgggacc ctcaagagga ataccactta tgttacactc 1140  
 15 ctgcactaaa ggcacgtact gcagtgtgaa gaaatgttct gaaaaagggt tatagaaaatc 1200  
 tggaaataag aaaggaagag ctctctgtat tctataattt gaagagaaaa aaagaaaaac 1260  
 ttttaactgg aaatgttagt ttgtacttat tgatcatgaa tacaagtata tatttaattt 1320  
 tgaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 987 Basenpaare
- 25 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

5

```

aacagagact ggcacaggac ctcttcattg caggaagatg gtagtgttagg caggtAACAT 60
tgagctctt tcaaaaaagg agagctctc ttcaagataa ggaagtggta gttatgggtgg 120
taacccccgg ctatcagtcc ggatggttgc cacccctcct gctgttaggat ggaagcagcc 180
10 atggagtggg agggaggcgc aataagacac ccctccacag agcttggcat catggaaAGC 240
tggttctacc tcttcctggc tcctttgtt aaaggcctgg ctgggagcct tcctttggg 300
tgtctttctc ttctccaacc aacagaaaag actgctctc aaaggtggag ggtcttcATG 360
aaacacagct gccaggagcc caggcacagg gctgggggCc tgaaaaagg agggcacaca 420
ggaggaggga ggagctggta gggagatgt gcctttacct aaggTCTCGA aacaaggagg 480
gcagaatagg cagaggcctc tccgtcccag gcccattttt gacagatggc gggacggaaa 540
tgcaatagac cagcctgcaa gaaagacatg tttttgtatg acaggcagtg tggccgggtg 600
gaacaagcac aggccttggA atccaatggA ctgaatcaga accctaggCC tgccatctgt 660
cagccgggtg acctgggtca atttttagcct ctaaaAGCCT cagtctcTT atctgaaaaa 720
tgaggcttgt gatacctgtt ttGAAGGGTT gctgagaaaa ttAAAGATAA gggtatccaa 780
20 aatagtctac ggccatacca ccctgaacgt gcctaatttc gtaagctaag cagggtcagg 840
cctggtagt acctggatgg ggagagatgt gaaaacatac ctgcccgcag ttggagttgg 900
actctgtctt aacagttagcg tggcacacag aaggcactca gtaaataactt gttgaataaa 960
tgaagttagcg atttgggtgtg aaaaaaaaaa

```

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 956 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

35 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cggacggtgg ggcggacgca tgggtgcagg agcagggcg ctgccgactg ccccaaccaa 60
ggaaggagcc cctgagtcgg cctgcgcctc catccatctg tccggccaga gccggcatcc 120
ttgcctgtct aaagccttaa ctaagactcc cgccccgggc tggccctgtg cagacccttac 180
15 tcagggatg tttacctggt gctcggaaag ggaggggaag gggccgggga gggggcacgg 240
caggcgtgtg gcagccacac gcaggcgccc agggcgccca gggacccaaa gcaggatgac 300
cacgcaccc caccgcactg cctccccca atgcatttgg aaccaaagt taaactgagc 360
tcgcagcccc cgcgcctcc ctccgcctcc catcccgctt agcgctctgg acagatggac 420
gcaggccctg tccagccccc agtgcgctcg ttccggtccc cacagactgc cccagccaac 480
20 gagattgctg gaaaccaagt caggccaggt gggcgacaa aaggggccagg tgccgcctgg 540
ggggAACGGA tgctccgagg actggactgt tttttcaca catcggttgc gcagcggtgg 600
gaaggaaagg cagatgtaaa ttagtgttg gtttacaggg tatattttt ataccttcaa 660
tgaattaatt cagatgttt acgcaaggaa ggacttaccc agtattactg ctgctgtgct 720
25 tttgatctct gtttaccgtt caagaggcgt gtgcaggccg acagtcggtg accccatcac 780
tcgcaggacc aaggggccgg ggactgctgg ctcacgcccc gctgtgtcct ccctccctc 840
ccttccttgg gcagaatgaa ttcgatgcgt attctgtggc cgccatctgc gcagggtgg 900
ggtattctgt catttacaca cgtcggtcta attaaaaagc gaattatact ccaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 536 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 35 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

```

aaataaaacac ttccataaaca ttttgtttgc gaagtctatt aatgcaatcc cacttttttc 60
cccctagttt ctaaatgtta aagagagggg aaaaaaggct caggatagtt ttcacccac 120
agtgttagct gtcttttatt ttactcttgg aaatagagac tccatttaggg ttttgacatt 180
ttgggaaccc agttttacca ttgtgtcagt aaaacaataa gatagttga gagcatatga 240
tctaaataaa gacatttcaa gggttagttt gaattctaaa agtagtaat agccaaatag 300
cattctcatc ccttaacaga caaaaactta tttgtcaaaa gaatttagaaa aggtgaaaat 360
atttttcca gatgaaactt gtgccactc caattgacta atgaaataca aggagacaga 420
ctggaaaaag tgggttatgc cacctttaaa accctttctg gtaaatatta tggttagctaa 480
agggtggttt cccccggcacc tggacctgga caggtagggt tccgtggta accagt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

20 ggggagggac gagtatgaa ccctgaagg agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60  
gctccctggg caccaagtcc cagggcaggag cagctgttt ccatcccttc ccagacaagc 120  
tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180  
atccccctcg gagggaaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240  
ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300  
gtgatttccc tttaggccag gacttgggccc tccagctcat ctgttcccttc tgggcccatt 360  
catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420  
gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480  
tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggtgca tagaggagat tctagcaggg 540  
gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600  
attaggaagt cgggggttggg tgggtgtgtt gggctagttt gggttgaatt taggggcccga 660  
30 tgagcttggg tacgtgagca ggggtttaag ttagggtctg cctgtatttc tggtcccctt 720  
ggaaatgtcc ctttcttcag tgtcagaccc cagttccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780  
agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcaact tgaccttagct agtgccttgg 840  
gcccagtgac ctggggggagc ctggctgcag gcccctcaact gttccctaaa ctttgggtggc 900  
tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gagaaatatg gctgagttct gtatgttcca 960  
35 gagttggctg gtagagcctt ctagaggttc agaatattag cttcaggatc agctgggggt 1020  
atggaattgg ctgaggatca aacgtatgtt ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080  
tgagggacag tttgggttttggacttacca ggggtgatgtt agatctggaa cccccaagtg 1140  
aggctggagg gagttaaagg cagtatggaa gatagggttgg acaggggttgg ctttggaaatg 1200  
aaagagtgac ctttagagggc tccttgggccc tcagaatgc tcctgtgtct gtgaagatga 1260  
40 gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgt 1320  
ctgggtccct ttagcacag gagactgggg ctaaggccc cttccaggaa agggacacca 1380  
tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgtcat ttcccagagg 1440  
actagcagga ggcagccttgg agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500  
cattgtcact gcccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560

cctcttgcct cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatctg 1620  
caaaaaaaaaa

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 169 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

30 tcttttgctt ttagctttt atttttgtat taacaggagt cttattacac ataggctcga 60  
taaaaactggt ttatgatctt cagtctgatt ccagtgcgtc ataacttagat aacgtatgaa 120  
ggaaaaacga cgacgaacaa aaaagtaagt gcttggaaaga cttagttga

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5                   (A) LÄNGE: 769 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10                  (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15                  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15                  (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15                  (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

20                  (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25                  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

```
tgcaggcat atttactatc ggcaataaaa ggaagcaaag cagtattaag cagcggtgga 60
atttgcgct ttcactttt ataaagtgt acataaaaatg tcataattcc aaatttaaaaa 120
acataactcc agttcttacc atgagaacag catggtgatc acgaaggatc ttcttggaaa 180
aaacaaaaac aaaaacaaaa aacaatgatc tcttctgggt atcacatcaa atgagataca 240
aaggtgtact aggcaatctt agagatctgg caacttattt tatatataag gcatctgtga 300
ccaagagacg ttatgaatta aatgtacaaa tgtattatgt ataaatgtat taaatgcaag 360
cttcatataa tgacaccaat gtctctaagt tgctcagaga tcttgactgg ctgtggccct 420
ggccagctcc tttcctgata gtctgattct gccttcataat ataggcagct cctgatcatc 480
35                 catgccatgt aatgagaaaa caagcatgga atatataaac tttaacatta aaaaatgttt 540
tattttgtaa taaaatcaaa ttcccattt aacaccttcaa aaactttgca gaatgagggtt 600
ttgatatatg tgtacaagta gtaccttctt agtgcaagaa aacatcatta tttctgtctg 660
```

cctgcctttt tgtttttaaa aatgaagact atcattgaaa caagttgtc ttcagtatca 720  
 ggacatgttg acggagagga aaggttaggg agggttaggg atagaagcc

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2529 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

30

tttagttcat agtaatgtaa aaccatttgt ttaattctaa atcaaatcac tttcacaaca 60  
 gtgaaaatta gtgactgggt aagggtgtgcc actgtacata tcattttt ctgactgggg 120  
 tcaggacctg gtcctagtcc acaagggtgg caggaggagg gtggaggccta agaacacaga 180  
 aaacacacaa aagaaaggaa agtgccttg gcagaaggat gaggtggta gcttgcgcag 240  
 ggatgggtggg aagggggctc cctgttgggg ccgagccagg agtcccagt cagctctcct 300  
 35 gccttactta gtcctggca gaggttgagt ggggacctac gaggttcaaa atcaaatggc 360

attggccaa<sub>5</sub> ccggcttt<sub>5</sub> ctaacagg<sub>5</sub> cccagagtgc<sub>5</sub> ctctgtggc<sub>5</sub> tgagctcc<sub>5</sub> 420  
 tgggctca<sub>5</sub> catttcat<sub>5</sub> gaagagtcca<sub>5</sub> aatgattcat<sub>5</sub> ttccatcccc<sub>5</sub> acaactttc<sub>5</sub> 480  
 attattcttc<sub>5</sub> tggaaaccca<sub>5</sub> ttctgttga<sub>5</sub> gtccatctga<sub>5</sub> cttaaatccc<sub>5</sub> ctctccctcc<sub>5</sub> 540  
 actagtggg<sub>5</sub> gccactgcac<sub>5</sub> tgaggggggt<sub>5</sub> cccaccaatt<sub>5</sub> ctctcttagag<sub>5</sub> aagagacact<sub>5</sub> 600  
 ccagaggccc<sub>5</sub> ctgcaactt<sub>5</sub> gggatttcc<sub>5</sub> agaagggtat<sub>5</sub> aaaaagagca<sub>5</sub> ctcttgagt<sub>5</sub> 660  
 ggtgccagg<sub>5</sub> aatgtttaaa<sub>5</sub> atctatcagg<sub>5</sub> cacactataa<sub>5</sub> agctgggt<sub>5</sub> ttcttcctac<sub>5</sub> 720  
 caagtggatt<sub>5</sub> cgccatata<sub>5</sub> accacact<sub>5</sub> caataactt<sub>5</sub> tattttgtct<sub>5</sub> gtttaaacac<sub>5</sub> 780  
 tgaactctgg<sub>5</sub> ttttgcacagg<sub>5</sub> tacaaaggag<sub>5</sub> aagagatggg<sub>5</sub> gactgtgaag<sub>5</sub> aggggagggc<sub>5</sub> 840  
 ttccctcatc<sub>5</sub> ttccatcaaga<sub>5</sub> tctttgtt<sub>5</sub> cataaactat<sub>5</sub> gcagtcataa<sub>5</sub> ttgagaaaaa<sub>5</sub> 900  
 10 gcaatagatg<sub>5</sub> gggcttc<sub>5</sub> ccatttgtt<sub>5</sub> gttattgt<sub>5</sub> gggtagcca<sub>5</sub> ggagcagtgt<sub>5</sub> 960  
 ggatggcaaa<sub>5</sub> tagggagaga<sub>5</sub> gggccagagg<sub>5</sub> aaagccatc<sub>5</sub> tccctcc<sub>5</sub> tttgggtct<sub>5</sub> 1020  
 ccagaaagag<sub>5</sub> gctggat<sub>5</sub> tggatgaag<sub>5</sub> cctagaaggc<sub>5</sub> agagcaagaa<sub>5</sub> ctgttccacc<sub>5</sub> 1080  
 aggtgaacag<sub>5</sub> tcctac<sub>5</sub> ttgttaccat<sub>5</sub> agtccctcaa<sub>5</sub> taagattcag<sub>5</sub> aggaagaagc<sub>5</sub> 1140  
 ttatgaaact<sub>5</sub> gaaaatcaa<sub>5</sub> tcaagg<sub>5</sub> gggagaata<sub>5</sub> atttccc<sub>5</sub> gattccacag<sub>5</sub> 1200  
 15 gagggaagac<sub>5</sub> cacacaat<sub>5</sub> catttgt<sub>5</sub> gggctcc<sub>5</sub> aggccctg<sub>5</sub> acctggctt<sub>5</sub> 1260  
 acaaattatc<sub>5</sub> aggggttgc<sub>5</sub> tgcttgc<sub>5</sub> tcacatg<sub>5</sub> ccctgtt<sub>5</sub> agcacacata<sub>5</sub> 1320  
 caaggagtt<sub>5</sub> tcagggaact<sub>5</sub> ctatcaagcc<sub>5</sub> ataccaa<sub>5</sub> cagggtcaca<sub>5</sub> tgggtt<sub>5</sub> 1380  
 cccttcc<sub>5</sub> gccttccat<sub>5</sub> aaaagacaac<sub>5</sub> ttggcttctg<sub>5</sub> aggtgg<sub>5</sub> tctttgc<sub>5</sub> 1440  
 gcagttggc<sub>5</sub> tgacctgaca<sub>5</sub> aagcccc<sub>5</sub> ttcttgc<sub>5</sub> caggtct<sub>5</sub> gagaggatgc<sub>5</sub> 1500  
 attcaagc<sub>5</sub> ctgcagc<sub>5</sub> tggacaggg<sub>5</sub> ctgttgc<sub>5</sub> agttattact<sub>5</sub> gcctcg<sub>5</sub> 1560  
 tccaaatccc<sub>5</sub> accaaatgc<sub>5</sub> tgactcc<sub>5</sub> tcttc<sub>5</sub> tgcacat<sub>5</sub> tcagtc<sub>5</sub> 1620  
 cttcggc<sub>5</sub> attctcg<sub>5</sub> gtatgttctc<sub>5</sub> tggcagag<sub>5</sub> aggcat<sub>5</sub> acatagtt<sub>5</sub> 1680  
 agggagaaag<sub>5</sub> ctgatggaa<sub>5</sub> acctgtg<sub>5</sub> taagcc<sub>5</sub> gtctc<sub>5</sub> accag<sub>5</sub> gaataattt<sub>5</sub> 1740  
 tgccagaaa<sub>5</sub> ccaggaagtc<sub>5</sub> attcaagg<sub>5</sub> ttctctg<sub>5</sub> ccaaagacac<sub>5</sub> tgagcacagc<sub>5</sub> 1800  
 25 ccagagccaa<sub>5</sub> taaaagat<sub>5</sub> ttgagtct<sub>5</sub> ggtgaatt<sub>5</sub> cgaagt<sub>5</sub> ccagctt<sub>5</sub> 1860  
 ctactgaat<sub>5</sub> tatgattt<sub>5</sub> atgggac<sub>5</sub> aatttcttgc<sub>5</sub> atctctacag<sub>5</sub> aggaagaaga<sub>5</sub> 1920  
 gggggagtgg<sub>5</sub> gaggggaagg<sub>5</sub> aaagagaaca<sub>5</sub> gagccgg<sub>5</sub> gggattt<sub>5</sub> aggggaac<sub>5</sub> 1980  
 ctctatctga<sub>5</sub> ggagcc<sub>5</sub> ctggctt<sub>5</sub> cagaactt<sub>5</sub> ccaaggg<sub>5</sub> tttaaagaca<sub>5</sub> 2040  
 taaaaattt<sub>5</sub> cagaaatacc<sub>5</sub> atttggt<sub>5</sub> tccctt<sub>5</sub> tctgtat<sub>5</sub> taaactc<sub>5</sub> 2100  
 30 taaaaattata<sub>5</sub> ctctgac<sub>5</sub> ttctctt<sub>5</sub> ctgc<sub>5</sub> cctctgc<sub>5</sub> gtcaggac<sub>5</sub> 2160  
 gcagaactgg<sub>5</sub> ctgaaacaag<sub>5</sub> atttcat<sub>5</sub> gtcacccat<sub>5</sub> agagat<sub>5</sub> caatgc<sub>5</sub> 2220  
 gcctgaagtt<sub>5</sub> atagagt<sub>5</sub> tacagcg<sub>5</sub> gcgatatt<sub>5</sub> ggggt<sub>5</sub> ccaact<sub>5</sub> 2280  
 tcgagttcca<sub>5</sub> aagctct<sub>5</sub> gaagaaacaa<sub>5</sub> gactc<sub>5</sub> tttact<sub>5</sub> atcccact<sub>5</sub> 2340  
 ttccagg<sub>5</sub> caagatt<sub>5</sub> caggaagcc<sub>5</sub> aacacc<sub>5</sub> gttgggt<sub>5</sub> cacgtcacca<sub>5</sub> 2400  
 35 gtccagagcc<sub>5</sub> ctgccac<sub>5</sub> tgtac<sub>5</sub> cagg<sub>5</sub> agccc<sub>5</sub> agcat<sub>5</sub> taggcaat<sub>5</sub> ggagccagaa<sub>5</sub> 2460  
 catgatcacc<sub>5</sub> agggccacaa<sub>5</sub> ataggaagag<sub>5</sub> gcgtgac<sub>5</sub> aactgctc<sub>5</sub> gtccacata<sub>5</sub> 2520  
 ggggt<sub>5</sub> tttt<sub>5</sub>

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1553 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH      (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

15

```

ttttttttt tttttgattt ctgggacaat taagcttat ttttcatata tatatatatt 60
ttcatatata tataacata cataataaa ggaaacaatt tgcaaattta cacaccgtac 120
aaaaccatat atacacacat atgtatgcat acacacagac agacacacac acccgaagct 180
ctagccaggc ccgtttcca tccctaagta ccattctctc atttggggccc ttcttagggtt 240
20 ggggcctgta gcttggggtt tagaagttt gtgctaata aaccatagct ttaatcccc 300
tgaaggacag tgttagaccc atctttgtct gctcccccgt gccttcagt tttacgtgat 360
ccatcaagag ggctatggga gccaaatgaa cacggggat tgaggcta at tcacctgaac 420
tcgaaaacag cgcccagctt cctcaccgca ggcacgcgtc ttttctttt ttttcctcga 480
gacggagtct cgctgtgtt cccaggctgg agtgcagtgg cacggctcg gctcaactgca 540
25 agctccaccc cctggattca taccattctc ctgcttcagc cttccagta gctggacta 600
taggtgccaa ccactacgcc tagctaattt tttttgtat ttttagttaga gacagggttt 660
caccgtgtta gccaggatgg tctcgtcctg actttgtat ccgcccgcct cggcctccca 720
aagtgtctggg attacaggcg tgagccacca cacctggccc cggcacgtat ctttaagga 780
atgacaccag ttccctggctt ctgaccaaag aaaaaatgtc acaggagact ttgaagaggc 840
30 agacaggagg gtggtggcag caacactgca gctgcttctg gatgctgctg gggtgctc 900
cgagcgggt gtgaacacagc cacttcaaca tgagcaggcg cctggctccg gtgtgtc 960
acttcagtgg tgcacctgga tggtggaaagc cagcccttgg ggcaggaaac cagctcagag 1020
aggctaccca gctcagctgc tggcaggagc caggtattta cagccataat gtgtgtaaag 1080
aaaaaacacg ttctgcaaga aactctccta cccgctcggg agactggggc tccttgctt 1140
35 ggatgagctt cactcaacgt ggagatgggt gtggactggc ccctgaaaag cgggccttc 1200
agggccaagt gaggtcctca ggtccttaac ccagtggccc tctgaaaggg ggtgtgcagg 1260
cgagggggagc aggaggcttc tctctagttc ctttggaggc tttggctgag agaagagtga 1320
gcagggagct gggaatggtc caggcaggga agggagctga agtgattcgg ggctaattgcc 1380
40 tcagatcgat gtattttctt ccctggtctc ccggagccct cttgtcaccg ctgctgcctt 1440
gcaggaggcc catctttctt gggagctt ctgacttaac ttcaactaca agttcgctt 1500
tacgagaccg gggtagcgt gatctctgc ttccctgagc gcctgcacgg cag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 921 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 5 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

25

```

ctgtggtccc agctactcag gaggctgagg cgggaggatt gcttgagccc aggagttgga 60
tgttgcagtg agccaagatc gcaccattgc cttccactct gggccacgga gcaataccct 120
gtctcagaaa acaaacaaca aaaagcagaa acgctgaagg ggtcggttta cgggaaaacc 180
gcctgtcaga acacttggct actcctaccc cagatcagtg gacctggaa tgagggttgg 240
tcccgggagg ctttctcca agctgttgc accagacccg ccatggaaac cctggccaca 300
gaagcctccc ggggagttag ccagagcctg gaccgctgtg ctgatgtgtc tgggggtggag 360
ggaggggtggg gagtgtagca ggtgtgtgt gtgcccccgggg ggtgttcatg ggcaagcatg 420
tgcgtgcctg tgggtgtgcg tgccccctccc ctgcagccgt cggtggtatc tccctccagc 480
cccttcgcca ctttctgagc attgtctgtc cacgtgagac tgcccagaga cagcagagct 540
30 ccacgtgggt ttaaggggag acctttccct ggacctgggg gtctcgccgt atctcatgac 600
caggtgctaa atgaccggac atgcatcacc tgcctttcga tgaccaacct ccctgtcccc 660
gtccccgtga cctgcccccg tggcgtctca cggtgatgcc tgctcctgac attgggttgc 720
actgttagcaa actacatct ggatggaaat tttcatgtac atgtgtggca tgtggaaaat 780

```

ttcaaataaa atggacttga tttagaaagc caaaaagctg tgtggtcctt ccagcacgga 840  
 tactttgacc tcttgcc tac aaccccttcc ttgggtccga ggctggtagc tttgttcaact 900  
 tcagatggtt gggggcggtt g

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 338 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

15 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

30

atgatctatac tagatgccct accgtaaaat caaaacacaa aaccctactg actcattccc 60  
 tcccttccag atattacccc atttctctac ttcccatgt agccaaacctt tccaaaaatt 120  
 catgttctgt cttcatttcc tcatgttcaa cccaccctgt cttagctacc acccctcagt 180  
 35 aacgaccttag cctgggtaga aacaaatgtc agcatgatac catactcaat gatccttcgt 240

cactgttgc attgtcatca ttccatggcc ttactttccc tctcagcgcc atttgtaca 300  
 gtaagaaact ttcttttttg aattcttgg tctcttgg

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1191 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

30

ctagcaagca ggtaaaacgag ctgtgtacaa acacacacag accaacacat ccggggatgg 60  
 ctgtgtttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggctct ctgtgccact 120  
 cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttataataaa aaatgtgcct tgctaactgt 180  
 gcacattaca acaaaggagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgcgc gctgccgttc 240  
 35 aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300

tacatgtgtc tgcgtggcc tgcgtgtca tctgctcgga gacgctcctg acaagtcggg 360  
 aatttctcta ttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccctgcttct cttctgtcac 420  
 ccccgctcct ctccccagg aggctcctt atttatggta gctttggact tgcttccccg 480  
 5 tctgactgtc cttgacttct agaatggaaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540  
 ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600  
 aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660  
 atggaatcag cagcgaaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720  
 accagatcca gtttctagaa caaagtatcc tcaggttga gaaagagatc caagatctg 780  
 10 aaaaagctga actgcaaattc tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840  
 ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtaaaagt ggaaagagaa gaaagagacg 900  
 aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960  
 ctaggttaag gaaggagata aatgaagaaa aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020  
 tatatgccat gaaaattaaa gttaaaaag acttgaagac tggagaaaagt acagttctgt 1080  
 cttccaatac ctctggccat cagatgactt taaaaggtac aggagtaaaa gtttaagatg 1140  
 15 atgggcaaaa gtccagtgtt ttcagtaaag tgctaattcac aagttggagg t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1200 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

5       aacagggact ctcactctat caaccccagg ctggagtcgg gtgcgcccac cctggctccc 60  
 tgcaacctcc gcctcccagg ctcagaac tctcctgcct cagtcgtct agtagctggg 120  
 actacaggca cacaccacca tgcccagcca attttgcat tttttgtaga gacagggttt 180  
 cgccttctgt ccaggccggc atcatatact ttaaatcatg cccagatgac tttaataacct 240  
 aataacaatat atcaggttgg tttaaaaata attgctttt tattatttt gcattttgc 300  
 10      accaaccta atgctatgt aatagttgtt atactgttgc ttaacaacag tatgacaatt 360  
 ttggctttt ctttgttatta ttttgttattt tttttttta ttgtgtggc tttttttttt 420  
 ttctcaagtgt tttcaattcc tccttgggtt aatccatgga tgcaaaaccc acagatatga 480  
 agggctggct atatatgcat ttagtattttt cctattatata tagttataaa gtgtcattta 540  
 atatgtatgt aaagttatgg tacagtggaa agagtagttg aaaacataaa catttggacc 600  
 15      tttcaagaaa ggtagcttgg tgaagttttt caccttcaaa ctatgtccca gtcaggcctc 660  
 tgctactaat tagctataat ctttgcacaa attacatcac ctttgagtct cagttggcctc 720  
 acctgtaaaaa tggaaagaact ggatactctc taaggtcaact tccagccctg tcattctata 780  
 actctgttat gctgaggaag aaattcacat tggatgttact gtatgagtca aactgaaaaat 840  
 gattataaa gtggggaaaaa gccaatttgc tctcttagaa agctcaacta aatttgagaa 900  
 20      gaataatctt ttcaattttt taagaatttta aatattttta agggtttgac ctatttattt 960  
 agagatgggg tctcaactctg tcacccagac tggagttacag tggcacaatc atagctact 1020  
 gctgcctcaa attcatgggc tcaagtgatc ctccctgcctc tgcctccaga gtagctgcga 1080  
 ctatggccat gtgccaccac gcctggctaa cattttgtattt gacctattta ttatgtga 1140  
 tttatatctt tttttttttt tctttttttt ttttttacaa aatcagaaaat acttattttt 1200  
 25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30      (A) LÄNGE: 989 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35      (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40      (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

aagccaccac tcaaaaacttc ctatacattt tcacagcaga gacaagtcaa catttatttt 60  
 tatgcctttc ttcctatgtg tatttcaagt cttttcaaa acaaggcccc aggactctcc 120  
 15 gattcaatta gtccttgggc tggtcgactg tgcaaggagtc cagggagccct ctacaaatgc 180  
 agagtgactc tttaccaaca taaaccctag atacatgcaa aaagcaggac ctttcctcca 240  
 ggaatgtgcc atttcagatg cacagcaccc atgcagaaaaa gctggaattt tccttggAAC 300  
 cgactgtgat agaggtgctt acatgaacat tgctactgtc tttctttttt tttgagacag 360  
 gtttcgcttg tgcccaggct gagtgcaatg cgtgatctca ctcactgcaa ttccacccctcc 420  
 20 aggttcaagc atttcctcgc tcagcctcct agtagctggg ttacaggcac tgccaccatg 480  
 ccggctaatt ttgtattttt gttagagatgg attttctccat ttggcagggc ggtctcgAAC 540  
 cccaacctca gtgatctgcc acctcagccct cctaagtgtt ggattacagg atgagccacc 600  
 25 cgaccggcca ctactgtttt tctttgaccc ttccagtttc gaagataaaag aggaaataat 660  
 ttctctgaag tacttgataa aatttccaaa caaaaacacat gtccacttca ctgataaaaa 720  
 atttaccgca gtttggcacc taagagtatg acaacagcaa taaaaagtaa tttcaaaAGAG 780  
 ttaagatttc ttccagaaaaa tagatgattc acatttcaaa gtccttttg aaatcagttt 840  
 ttaatattat tcttcctca tttccatctg aatgactgca gcaatagttt tttttttttt 900  
 tttttttttt ttgcgagatg gaatctcgct ctgtcgccca gcgggagtgc actggcgcaa 960  
 gcccggctca ccgcaatctc tgccaccccg

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 250 Basenpaare  
 35 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 40 hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

15

catttccccca ttggtcctga tggtaagat ttagttaaag aggctgtaag tcaggttcga 60  
 gcagaggcta ctacaagaag taggaaatca agtcacctac atgggctatt aaaacttaggt 120  
 agtggtgag tagtaaaaaa gaaatctgag caacttcata acgtaactgc ctttcaggg 180  
 20 aaagggcatt ctttaggaac tgcatctggt aacccacacc ttgatccaag agctaggaa 240  
 acttcagttg

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 5                   (A) ORGANISMUS: MENSCH  
                  (C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10                  (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

15	gcgcccccgaa gcagcgcccg cgccctccgc gccttctccg ccgggacctc gagcgaaaaga 60
	ggcccgcgcg ccgcccagcc ctgcgtctccc tgcccaccgg gcacacccgcg ccgccacccc 120
	gaccccgctg cgcacggcct gtccgctgca caccagcttg ttggcgtctt cgtcgcccg 180
	ctcgccccgg gctactcctg cgcgccacaa tgagctcccg catgcgcagg gcgctcgcc 240
	tagtcgtcac cttctccac ttgaccaggc tggcgtctc cacctgcccc gctgcctgcc 300
20	actgccccct ggaggcgccc aagtgcgcgc cgggagtcgg gctggccgg gacggctgcg 360
	gctgctgtaa ggtctgcgcc aagcagctca acgaggactg cagcaaaacg cagccctgcg 420
	accacaccaa ggggctggaa tgcaacttcg ggcgcggc aaccgcgtca aacccctgtg aatataactc cagaatctac caaaacgggg 540
	gcagagctca gtcagagggc agaccctgtg aaatataactc cagaatctac caaaacgggg 540
	aaagtttcca gcccaactgt aaacatcagt gcacatgtat tgatgcgcc gtgggctgca 600
25	ttcctctgtg tccccaaagaa ctatctctcc ccaacttggg ctgtcccaac cctcggtctgg 660
	tcaaagttac cgggcagtgc tgcgaggagt gggctgtga cgaggatagt atcaaggacc 720
	ccatggagga ccaggacggc ctcccttggca aggagctggg attcgatgcc tccgaggtgg 780
	agttgacgag aaacaatgaa ttgattgcag ttggaaaagg cagctcactg aagcggctcc 840
	ctgttttgg aatggagcct cgcatcctat acaaccctt acaaggccag aaatgtattg 900
30	ttcaaaacaac ttcatggtcc cagtgcctaa agacctgtgg aactgttac tccacacgag 960
	ttaccaatga caaccctgag tgccgccttg taaaagaaaac ccggatttgt gaggtgcggc 1020
	cttgggaca gccagtgtac agcagcctga aaaaggccaa gaaatgcagc aagaccaaga 1080
	aatcccccgaa accagtccagg ttacttacg ctggatgttt gagtgtaag aaataccggc 1140
	ccaaagtactg cggttcctgc gtggacggcc gatgctgcac gccccagctg accaggactg 1200
35	tgaagatgcg gttccgctgc gaagatgggg agacatttc caagaacgtc atgatgatcc 1260
	agtccctgcaa atgcaactac aactgccccg atgccaatga agcagcgttt ccattctaca 1320
	ggctgttcaa tgacattcac aaatttaggg actaaatgct acctgggttt ccagggcaca 1380
	cctagacaaa caagggagaa gagtgtcaga atcagaatca tggaaaaat gggcgggggt 1440
	ggtgtgggtg atgggactca ttgttagaaag gaagccttgc tcatttctga ggagcattaa 1500
40	ggtatttcga aactgccaag ggtgctggtg cggatggaca ctaatgcagc cacgattgga 1560
	gaataactttg cttcatagta ttggagcaca tggtactgct tcatttttggc gcttgtggag 1620
	ttgatgactt tctgtttct gtttgtaaat tatttgcata gcatattttc tctaggcttt 1680
	tttcccttttgg gggttctaca gtcgtaaaag agataataag attagttgga cagtttaaag 1740
	cttttattcg tcctttgaca aaagtaaatg ggagggcatt ccatcccttc ctgaaggggg 1800
45	acactccatg agtgtctgtg agaggcagt atctgcactc taaactgcaa acagaaatca 1860
	ggtgttttaa gactgaatgt ttatatttc aaaaatgtgc ttttgggag ggaggggaaa 1920
	tgttaatactg gaataatttg taaatgattt taatttata ttcagtgaaa agattttatt 1980

5           tatggaaatta accatttaat aaagaaaatat ttacctaata tctgagtgtat tgccattcg 2040  
 tatttttaga ggtgctccaa agtcattagg aacaacctag ctcacgtact caattattca 2100  
 aacaggactt attgggatac agcagtgaat taagctatta aaataagata atgattgctt 2160  
 ttatacccttc agtagagaaa agtcttgca tataaagtaa tgtttaaaaa acatgtattg 2220  
 aacacgacat tgtatgaagc acaataaaga ttctgaagct aaaaaaaaaaa

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

10           (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1636 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

35           cttgaatgaa gctgacaccca agaaccgcgg gaagagcttg ggcccaaagc aggaaaggga 60  
 agcgctcgag ttggaaagga accgctgctg ctggccgaac tcaagccccgg gcgcccccac 120  
 cagtttgatt ggaagtccag ctgtgaaacc tggagcgtcg ctttctcccc agatggctcc 180

tggtttgctt ggtctcaagg acactgcac gtcaaactga tccccctggcc gttggaggag 240  
 cagttcatcc ctaaagggtt tgaagccaaa agccgaagta gcaaaaatga gacgaaaggg 300  
 cggggcagcc caaaagagaa gacgctggac tgtggtcaga ttgtctgggg gctggccttc 360  
 5 agcccgtggc ctccccacc cagcaggaag ctctggcac gccaccaccc ccaagtgc 420  
 gatgtctctt gcctgggtct tgctacggg ctcaacgatg ggcagatcaa gatctggag 480  
 gtgcagacag ggctccctgt tttgaatctt tccggccacc aagatgtcg gagagatctg 540  
 agttcacac ccagtggcag ttgattttg gtctccgcgt cacggataa gactcttcgc 600  
 atctgggacc tgaataaaca cggtaaacag attcaagtgt tatcgggcca cctgcagtgg 660  
 10 gtttactgct gttccatctc cccagactgc agcatgctgt gctctgcagc tggagagaag 720  
 tcgggtcttc tatggagcat gaggtcctac acgttaattc ggaagctaga gggccatcaa 780  
 agcagtgttg tctcttgtga cttctccccc gactctgccc tgcttgcac ggcttcttac 840  
 gataccaatg tgattatgtg ggacccctac accggcgaaa ggctgaggc actccaccac 900  
 acccagggtt accccgccat ggatgacagt gacgtccaca ttagctcact gagatctgtg 960  
 15 tgcttctctc cagaaggctt gtaccttgcc acgtggcag atgacagact cctcaggatc 1020  
 tgggcctgg aactgaaaac tcccattgca tttgctccta tgaccaatgg gcttgctgc 1080  
 acatttttc cacatggtg agtcattgcc acagggacaa gagatggcca cgtccagttc 1140  
 tggacagctc ctagggtcct gtcctcactg aagacttat gccggaaagc cttcgaagt 1200  
 ttcctaacaa cttaccaagt cctagcactg ccaatccccca agaaaatgaa agagttcctc 1260  
 acatacagga ctttttaagc aacaccat ctttgcttc tttgttagcag ggtaaatcgt 1320  
 cctgtcaaag ggagttgctg gaataatggg ccaaacatct ggtcttgcat tgaaatagca 1380  
 tttcttggg attgtgaata gaatgttagca aaaccagatt ccagtgtaa taaaagaatt 1440  
 ttttgtctt taaatagata caaatgtcta tcaactttaa tcaagttgta acttatattg 1500  
 25 aagacaattt gatacataat aaaaaattat gacaatgtcc tggaaaaaaa aaaatgtaga 1560  
 aagatggta agggtggat ggatgaggag cgtggtgacg ggggcctgca gcgggttggg 1620  
 gaccctgtgc tgcgtt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 460 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

10       ccatgttgtt atgagagaga gagagattgg gagggagagg gagctcacta ggcataatgt 60  
       gcctccaggg ggctgcagat gtgtctgagg gtgagcctgg tgaaagagaa gacaaaagaa 120  
       tggaatgagc taaagcagcc gcctggggtg ggaggcccgag cccatttcta tgcagcagg 180  
       ggcaggagcc cagcaaggaa gcctccattc ccaggactct ggagggagct gagaccatcc 240  
       atgcccgcag agccctccct cacactccat cctgtccagc cctaatttgc caggtgggga 300  
       15      aactgaggct gggaaagtac atagcaagtg actggcagag ctggactgg aacccaacca 360  
       gcctcctaga ccacggttt tcccatcaat ggaatgctag agactccagc caggtgggta 420  
       ccgagctcga attcgtaatc atggtcatac ctgttctctg

20       (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1049 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
                   hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35       (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

10	atctgatcaa gaatacctgc cctggtcact ctgcggatgt ttctgtccac ttgttcacat 60
	tgaggacaa gatatccctt ttacagagg cacttgtcg gtctaacaca gacaccccca 120
	tgacgacatg ctggctcaca ttttcgcatt ctgcagaagt cccccccca gcctggacta 180
	cagcagcact ttcccgtggg ggtgcagtag ccgttgcac agagcctgga gcactctgaa 240
	gtcagtgtct gtgcagggtt acccggtggc ctgcattccct caggcattaa aggtctttt 300
	ggatctacaa tttttagat tttccatgg tgagtctggg tcataactttt actgcttgat 360
15	aaaatgtaaa cttcacctag ttcatcttcc ccaaattccca agatgtgacc ggaaaagtag 420
	cctctacagg acccactagt gccgacacacag agtggttttt cttgccactg cttgtcaca 480
	ggactttgct ggagaggttag gaaattccca ttacgatctc caaacacgta gcttccatac 540
	aatcttctg actggcagcc ccggatataca aatccaccaa ccaaaggacc attactgaat 600
20	ggcttgaatt ctaaaagtga tgcttcactt tcataatctt tcccccttat tatctgtaga 660
	attctggctg atgatctgtt tttccatgg gagtctgaac acagtatcgt taaattgtat 720
	tttataatcag tgggatgtct atccacagaca catctgcctg gatcggtggag cccatgagca 780
	aacacttcgg ggggctgggtt ggtgcgtgtg aagtgtgggt tgctccctgg tatgaaataa 840
	ggcacgttgc acatgtctgt gtcccacatcc agccgttagca ctgaggctgt gaaatcactt 900
25	aacccatcca tttcttccat atcatccagt gtaatcatcc catcaccaag aatgatgtac 960
	aaaaacccgt cagggccaaa gagcagttgc cctcccaat gctttctgtg gagttctgca 1020
	acttcaagaa agactctggc ttttctcaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 747 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

15

```

tttttcaaat cacatatggc ttctttgacc ccatcaaata actttattca cacaaacgtc 60
ccttaattta caaagcctca gtcattcata cacatttaggg gatccacagt gttcaaggaa 120
cttaaatata atgtatcata ccaacccaag taaaccaagt aaaaaaaaata ttcatataaa 180
gttgttcaca cgttaggtcct agattaccag cttctgtgca aaaaaaggaa atgaagaaaa 240
20 atagatttat taactagtat tggaaactaa ctttgtgcct ggcttaaaac ctccctcacg 300
ctcgctgtc ccacacaaaat gtttaagaag tcactgcaat gtactccccg gctctgtatga 360
aaagaagccc ctggcacaaa agattccagt gcccctgaag aggctccctt cctcctgtgg 420
gctctcctag aaaaccagcg ggacggcctc cctgctgata ccgtctataa ctttaggggg 480
ccctcgggca ggcaacggca gtggactcat ctcggtgatg gctgtagatg ctaacactgg 540
25 ccaattcaat gccacaccta ctggttaccc tttagggca tttctccaga cagaagcccc 600
ttgaaggcta ggttagggcag gatcagagat acacccgtgt ttgtctcgaa gggctccaca 660
gcccagtacg acatgcttgc agaagtagta tctctggact tctgcctcca gtcgaccggc 720
cgcgaattta gtagtaatag cggccgc

```

30

**Patentsprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend

5

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1 bis Seq. ID No. 59

10

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

15

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

20

3. Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind.

25

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

30

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
  6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 10
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 15
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 3000 bp aufweist.
- 20
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp aufweist.
- 25
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2600 bp aufweist.
- 30
11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 5      13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 12, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 10     14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 15     15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 20     16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 25     17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 11.
- 30     18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 5      20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.
- 10     21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.
- 15     22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 20     23. Polypeptidsequenz, exprimiert von einer der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.
- 25     24. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30     25. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
26. Polypeptidsequenz, dadurch gekennzeichnet, daß sie die Sequenz Seq ID No. 34 umfasst.

27. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 26 als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen.
  28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.
- 10 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 in sense oder antisense Form.
- 15 30. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 26 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.
- 20 31. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 26 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.
- 25 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptidsequenz gemäß den Ansprüchen 23 bis 26.
- 30 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 5      35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.
- 10     36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 15     38. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 und der Peptide gemäß den Ansprüchen 23 bis 26, entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Artheriosklerose und Verletzungen des Nervengewebes.

## Zusamm nfas ung

Es werden Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder Teile davon 5 kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.